

**JOSÉ ELIDNEY PINTO JÚNIOR**

**REML / BLUP PARA A ANÁLISE DE MÚLTIPLOS EXPERIMENTOS,  
NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Eucalyptus grandis* W. HILL  
EX MAIDEN**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Ciências.

Orientador: Dr. Pedro Ronzelli Júnior  
Co-Orientador: Dr. Marcos D. V. de Resende

**CURITIBA**

**2004**

Pinto Júnior, José Elidney  
REML/BLUP para a análise de múltiplos experimentos no  
Melhoramento genético de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden /

José Elidney Pinto Júnior —Curitiba, 2004.  
xiv, 113 f.

Orientador: Pedro Ronzelli Júnior.  
Tese (Doutorado em Agronomia) – Setor de Ciências  
Agrárias, Universidade Federal do Paraná.

1. Melhoramento genético. 2. *Eucalyptus grandis*. I. Título

CDU 636.082



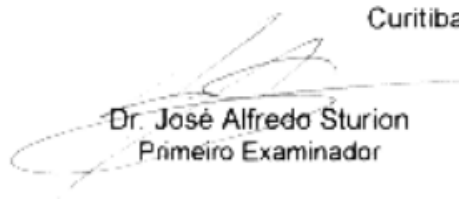
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ  
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA E FITOSSANITARISMO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA  
PRODUÇÃO VEGETAL

## PARECER

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Tese de DOUTORADO, apresentada pelo candidato **JOSÉ ELIDNEY PINTO JÚNIOR**, sob o título "**REML/BLUP PARA A ANÁLISE DE MÚLTIPLOS EXPERIMENTOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE *Eucalyptus grandis* W. HILL EX MAIDEN**", para obtenção do grau de Doutor em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

Após haver analisado o referido trabalho e argüido o candidato são de parecer pela "**APROVAÇÃO COM DISTINÇÃO**" da Tese.

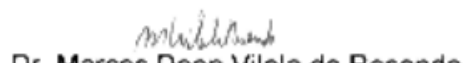
Curitiba, 08 de Novembro de 2004.



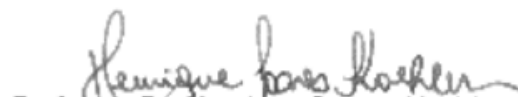
Dr. José Alfredo Sturion  
Primeiro Examinador




Dr. Emerson Gonçalves Martins  
Segundo Examinador



Dr. Marcos Deon Vilela de Resende  
Terceiro Examinador



Professor Dr. Henrique Soares Koehler  
Quarto Examinador



Professor Dr. Pedro Ronzelli Júnior  
Presidente da Banca e Orientador

## DEDICATÓRIA

*À minha esposa Marlene  
e aos meus filhos Lucas  
e Elisa, dedico com amor.*

## AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, José Elidney Pinto e Zulmira de Oliveira Pinto, em memória, expresso a minha eterna gratidão pelo carinho, apoio e incentivo presentes em todos os momentos da minha vida.

À minha esposa e filhos pelo carinho, incentivos e paciência sempre presentes.

Ao professor Dr. Pedro Ronzelli Júnior, pela orientação, amizade e estímulos à elaboração deste trabalho.

Ao professor Dr. Marcos Deon Vilela de Resende pela co-orientação, amizade e pela valiosa e imprescindível contribuição.

Ao pesquisador Dr. José Alfredo Sturion pela amizade, pelo auxílio no processamento das análises e pelas valiosas sugestões apresentadas.

Aos amigos Dr. Admir Lopes Mora, Dr. Sérgio Ahrens e Laércio Luiz Duda, pelas valiosas sugestões apresentadas e ao Dr. José Luiz Stape pelas informações.

Às amigas Rejane Stumpf Sberze e Elisabete Marques Oaida pelo suporte geral administrativo, à Elizabeth Denise Câmara Trevisan pela revisão das referências bibliográficas e à Simone Amadeu pela formatação do documento.

Aos amigos Gerson Rino Prantl Oaida pelo constante apoio na área de informática e Mieceslau S. Stefankowski pelo tratamento dos arquivos de dados.

À *Embrapa Florestas* pela oportunidade de realizar o Curso de Doutorado.

Ao Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da Universidade Federal do Paraná, pela oportunidade de realizar o Doutorado, e a todos os seus docentes pelos ensinamentos e pela amizade.

À International Paper do Brasil Ltda; Ripasa S. A. Celulose e Papel; e Votorantim Celulose e Papel - VCP Florestal, pelo fornecimento dos dados experimentais e demais informações.

Aos integrantes da Banca Examinadora da Pré-Defesa da Tese, Dr. Henrique Soares Koehler, Dr. Luiz Antonio Biasi e Dr. Pedro Ronzelli Júnior, pelas sugestões

Aos integrantes da Banca Examinadora da Defesa da Tese, pela atenção dispensada e pela grande contribuição ao aprimoramento do trabalho.

A todos os profissionais e amigos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

## BIOGRAFIA DO AUTOR

JOSÉ ELIDNEY PINTO JÚNIOR, filho de José Elidney Pinto e de Zulmira de Oliveira Pinto, nasceu em São Paulo, Estado de São Paulo, aos nove de janeiro de 1952. É casado com a médica Marlene Corrêa Pinto e pai de um filho, Lucas Corrêa Pinto, e uma filha, Elisa Corrêa Pinto.

Cursou o ensino de primeiro e segundo graus em São Paulo, SP. Em 1977, recebeu o grau de Engenheiro Florestal, e em 1984 o grau de Mestre em Engenharia Florestal, conferidos pela Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo.

De 1977 a 1983, trabalhou para o Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), órgão filiado ao Departamento de Ciências Florestais, da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo. Desde novembro de 1983, trabalha para a *Embrapa Florestas*, onde desempenha a função de pesquisador, na área de melhoramento de plantas. Em março de 2001, iniciou o Doutorado em Agronomia, área de concentração em Produção Vegetal, no Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da Universidade Federal do Paraná.

## SUMÁRIO

<b>LISTA DE ILUSTRAÇÕES.....</b>	ix
<b>RESUMO.....</b>	xi
<b>ABSTRACT.....</b>	xiii
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	1
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	5
2.1 O GÊNERO <i>EUCALYPTUS</i> .....	5
2.1.1 Características gerais.....	5
2.1.2 Importância.....	6
2.2 A ESPÉCIE <i>Eucalyptus grandis</i> W. HILL EX MAIDEN.....	7
2.2.1 Área de ocorrência natural e habitat.....	7
2.2.2 Biologia floral e sistema reprodutivo.....	9
2.2.3 Importância de <i>Eucalyptus grandis</i> .....	10
2.3 CARACTERÍSTICAS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO FLORESTAL.....	10
2.3.1 Antecedentes.....	11
2.3.2 Germoplasma para a seleção.....	12
2.3.3 Seleção e métodos de seleção.....	14
2.3.3.1 Seleção.....	14
2.3.3.2 Métodos de seleção.....	17
2.3.4 Delineamentos de cruzamentos.....	19
2.3.5 Estrutura de populações.....	20
2.3.5.1 Tamanho efetivo populacional e endogamia.....	22
2.4 ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS.....	24
2.4.1 Importância.....	24
2.4.2 Variâncias genotípica e fenotípica e heterogeneidade das variâncias.....	26
2.4.3 Herdabilidade.....	28
2.4.4 Correlações genética e fenotípica.....	29
2.5 PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS.....	32
2.6 INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE.....	38
2.7 ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DOS VALORES GENOTÍPICOS PREDITOS.....	40
<b>3 METODOLOGIA.....</b>	45
3.1 CARACTERIZAÇÃO GEOGRÁFICA, EDÁFICA E CLIMÁTICA DOS LOCAIS EXPERIMENTAIS.....	45
3.2 CARACTERIZAÇÃO E PREPARO DO MATERIAL PARA PLANTIO.....	46
3.3 GERMOPLASMA.....	47
3.4 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E COLETA DE DADOS.....	48
3.5 CORREÇÃO DE DADOS E HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS.....	49
3.6 ANÁLISE DA INTERAÇÃO POR MEIO DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS.....	50
3.7 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS.....	51
3.7.1 Modelo estatístico 1 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela.....	51
3.7.2 Modelo estatístico 5 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações.....	53
3.7.3 Modelo estatístico 14 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações e vários locais.....	53
3.7.4 Desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais.....	55
3.7.5 Estimativas das correlações genéticas e fenotípicas.....	56
3.8 SIMULAÇÃO DA SELEÇÃO E PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS.....	56

3.8.1 Seleção de famílias baseada na produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípicas.....	57
3.8.1.1 Seleção de famílias para produtividade e estabilidade, baseada na média harmônica do valor genético (MHVG).....	57
3.8.1.2 Seleção de famílias para produtividade e adaptabilidade, baseada na performance relativa do valor genético (PRVG).....	57
3.8.1.3 Seleção de famílias para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, baseada na média harmônica da performance relativa dos valores genéticos.....	58
3.8.2 Critérios e estratégias de seleção de indivíduos para a predição de ganhos genéticos.....	59
3.9 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL E NÚMERO EFETIVO DE FAMÍLIAS SELECIONADAS.....	60
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	61
4.1 CRESCIMENTO E SOBREVIVÊNCIA POR LOCAL.....	61
4.2 VALORES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA OS LOCAIS DE TESTES..	62
4.3 CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E GENÉTICAS ENTRE CARACTERES.....	64
4.4 CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE LOCAIS (rgloc).....	66
4.5 SELEÇÃO SIMULADA, VALORES GENÉTICOS E GANHOS PREDITOS.....	67
4.5.1 Resultados da correção de dados para as análises conjuntas de locais.....	68
4.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos para as análises conjuntas de locais, com dados não corrigidos e corrigidos.....	69
4.5.3 Resultados da seleção simulada pelos critérios da média harmônica (MHVG), performance relativa (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG).....	72
4.5.4 Predição de ganhos genéticos baseada nas análises conjuntas de locais, em função dos critérios e estratégias de seleção simulada, para dados não corrigidos e corrigidos.....	73
<b>5 CONCLUSÕES</b> .....	83
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	85
<b>ANEXOS</b> .....	104



## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA 1 -	ÁREA DE OCORRÊNCIA NATURAL DE <i>Eucalyptus grandis</i> .....	8
QUADRO 1 -	LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA DOS TESTES DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE <i>E. grandis</i> , NO ESTADO DE SÃO PAULO.....	45
QUADRO 2 -	VALORES DE PRECIPITAÇÃO PLUVIOMÉTRICA MÉDIA ANUAL, DEFICIÊNCIA HÍDRICA ANUAL E DE TEMPERATURAS DOS LOCAIS EXPERIMENTAIS, OBTIDOS NO PERÍODO DE 1989 A 1991.....	46
QUADRO 3 -	LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA DAS PROCEDÊNCIAS AUSTRALIANAS DE SEMENTES TESTADAS E NÚMERO TOTAL DE PROGÊNIES AVALIADAS EM CADA LOCAL.....	47
QUADRO 4 -	NÚMERO DE REPETIÇÕES, NÚMERO DE PROGÊNIES POR PROCEDÊNCIA, TOTAL DE ÁRVORES POR EXPERIMENTO E IDADE DE AVALIAÇÃO.....	48
QUADRO 5 -	VALORES DE DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO E DE HERDABILIDADE USADOS NA CORREÇÃO DE DAP.....	49
QUADRO 6 -	ORGANIZAÇÃO DOS ARQUIVOS DE DADOS DOS TESTES, PARA A ANÁLISE DA INTERAÇÃO ENTRE LOCAIS.....	50
TABELA 1 -	VALORES GENOTÍPICOS DE INCREMENTOS MÉDIOS ANUAIS INDIVIDUAIS PARA OS CARACTERES ALTURA, DIÂMETRO VOLUME E SOBREVIVÊNCIA, PARA AS TRÊS PROCEDÊNCIAS.....	61
TABELA 2 -	VALORES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA (REML INDIVIDUAL) PARA VOLUME DE MADEIRA, EM NÍVEL DE INDIVÍDUO, PARA OS LOCAIS ESTUDADOS, NA IDADE AJUSTADA DE CINCO ANOS.....	63
TABELA 3 -	ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS E DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM NÍVEL DE MÉDIA DE FAMÍLIAS ENTRE PARES DE CARACTERES DE CRESCIMENTO DE PROCEDÊNCIAS DE <i>E. grandis</i> , PARA OS TRÊS LOCAIS.....	65
TABELA 4 -	ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ADITIVAS, EM NÍVEL DE INDIVÍDUOS, ENTRE PARES DE CARACTERES DE CRESCIMENTO DE PROCEDÊNCIAS DE <i>E. grandis</i> , PARA OS TRÊS LOCAIS.....	66
TABELA 5 -	VALORES DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS PARA LOCAIS PAREADOS ( $rg_{loc}$ ), COM DADOS DE DAP CORRIGIDOS PELO DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO ( $\hat{\sigma}_f$ ).....	67
TABELA 6 -	NÚMEROS DE FAMÍLIAS COMUNS E NÚMERO DE INDIVÍDUOS COMUNS, NA COMPARAÇÃO DE ORDENAMENTOS OBTIDOS DE DADOS CORRIGIDOS E NÃO CORRIGIDOS GERADOS PELAS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS.....	68
TABELA 7 -	VALORES DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA O CARÁTER DAP, NA ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS, CONSIDERANDO OS DADOS NÃO CORRIGIDOS E CORRIGIDOS E CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PARA PRODUTIDADE E ESTABILIDADE (MHVG), PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVG) E PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVG).....	70

TABELA 8 -	NÚMERO DE FAMÍLIAS COMUNS, EM PORCENTAGEM, NA COMPARAÇÃO DE ORDENAMENTOS OBTIDOS PARA A SELEÇÃO SIMULADA PELA MHVG, PRVG E MHPRVG.....	72
TABELA 9 -	PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS PARA DAP, PELA ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS, CONSIDERANDO OS DADOS NÃO CORRIGIDOS E CORRIGIDOS, EM FUNÇÃO DOS DIFERENTES CRITÉRIOS E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO SIMULADA.....	74
TABELA 10 -	ORDENAMENTOS DE FAMÍLIAS EM FUNÇÃO DOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE GENOTÍPICAS, OBTIDOS DAS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS.....	78
TABELA 11 -	GANHOS GENÉTICOS PREDITOS PARA DAP, NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR DE SEMENTES POR MUDAS, COM OS DUZENTOS INDIVÍDUOS DE MAIOR VALOR GENÉTICO, CONSIDERANDO AS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS E OS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO.....	79
TABELA 12 -	GANHOS GENÉTICOS PREDITOS PARA DAP, NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES, PELA SELEÇÃO DOS VINTE INDIVÍDUOS DE MAIOR VALOR GENÉTICO, CONSIDERANDO AS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS E OS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO.....	80
TABELA 13 -	GANHOS GENOTÍPICOS PREDITOS PARA DAP, NO ESTABELECIMENTO DE UM JARDIM CLONAL DE <i>E. grandis</i> , PELA SELEÇÃO DOS VINTE INDIVÍDUOS DE MAIOR VALOR GENÉTICO, CONSIDERANDO AS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS E OS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO.....	81
ANEXO 1 -	EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS, VALOR GENÉTICO PREDITO, GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL, PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS.....	105

## RESUMO

O objetivo do trabalho foi a avaliação de testes de progênies de *Eucalyptus grandis* W.Hill ex Maiden, por meio do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, identificando os melhores indivíduos e famílias para compor uma população de melhoramento e seu respectivo uso em pomares de sementes por mudas ou clonal. Cinquenta e três progênies de três procedências australianas foram testadas nos municípios paulistas de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava. O delineamento usado foi o de blocos de famílias compactadas, com número de repetições variáveis por local e parcelas lineares de seis plantas cada, no espaçamento de 3 m x 2 m. Duas formas de padronização ou correção de dados foram empregadas, visando avaliar a sua eficiência na redução da heterogeneidade das variâncias genética, ambiental e fenotípica presentes. Complementarmente, as estatísticas da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG), da Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) e da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos foram usadas como medidas para fornecer e facilitar a interpretação da estabilidade genotípica e adaptabilidade de plantas, empregando-as como distintos critérios à simulação de seleção por produtividade, estabilidade e adaptabilidade ou pelos três atributos simultaneamente, tendo sido estimadas pela metodologia dos modelos mistos com efeitos genéticos assumidos como aleatórios. A correção de dados efetuada pela razão ( $h_i/h_{im}$ ) entre a raiz quadrada da herdabilidade no local  $i$  e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente ou local apresentou maior eficiência quando comparada à não correção ou correção de dados feita pelo desvio padrão fenotípico ( $\hat{\sigma}_f$ ), usualmente empregado. As estatísticas da MHVG, PRVG e MHPRVG mostraram-se úteis à simulação de seleção de indivíduos pelos atributos considerados, fornecendo opções para a escolha de estratégias e critérios de seleção mais oportunos, ao considerar os distintos valores de ganhos genéticos preditos. Adicionalmente, os resultados das análises conjuntas de locais confirmaram que ganhos de alta magnitude podem ser obtidos para o crescimento em diâmetro, com a seleção de indivíduos baseada nos seus valores genéticos, tanto pelo desbaste dos testes, transformando-os opcionalmente em pomares de sementes por mudas, como por meio da propagação vegetativa dos melhores indivíduos para um pomar clonal de sementes. Em função dos valores obtidos para a correlação genética entre os locais, uma única População Seleccionada e um único Pomar Clonal de Sementes podem ser estabelecidos ao atendimento de regiões representativas dos três locais experimentais testados, implicando em economia de investimentos. A variabilidade genética presente foi expressada pelos valores moderados obtidos de herdabilidade individual, no sentido restrito, para o crescimento em diâmetro à altura do peito (DAP), nos três locais estudados. A adoção de estratégias e critérios propostos à seleção permitirá compor uma População Seleccionada com duzentos indivíduos de maiores valores genéticos, com número efetivo de famílias adequado, propiciando ganhos para DAP entre 12,89% a 24,33%, em relação à média experimental, no estabelecimento de um Pomar de Sementes por Muda. A seleção dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos aditivos, para o estabelecimento de um Pomar Clonal de Sementes, poderá propiciar ganhos para DAP entre 17,18% e 50,95%, em relação à média experimental. Por sua vez, a seleção dos vinte melhores indivíduos, com os maiores

valores genotípicos, para o estabelecimento de um Jardim Clonal, poderá propiciar ganhos para DAP entre 22,40% a 82,16%, em relação à média experimental, para as plantações clonais resultantes do material selecionado em questão.

Palavras-chave: genética quantitativa; melhoramento de eucalipto; modelos lineares; predição de valores genéticos; REML/BLUP; tamanho efetivo populacional; heterogeneidade de variâncias.

## ABSTRACT

### REML/BLUP FOR THE ANALYSIS OF MULTIPLE EXPERIMENTS IN *Eucalyptus grandis* W. HILL EX MAIDEN TREE IMPROVEMENT

This research work was developed in order to evaluate progeny trials of *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden using the software SELEGEN-REML/BLUP. The best trees were identified in order to be used in seedlings and clonal orchards. Fifty three half-sib progenies of three Australian provenances were tested in the municipalities of Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul and Caçapava, all located in the State of São Paulo. A compacted families block experimental design was used with variable number of replicates, linear plots of six trees each, and a 3.00 x 2.00 m spacing. Two methods of data standardization or transformation were used in order to evaluate their efficiency in the reduction of the genetic, environmental and phenotypic variances. The estimated Harmonic Mean for Genetic Values (MHVG), Relative Performance of Genetic Values (PRVG) and the Harmonic Mean of Relative Performance of Genetic Values (MHPRVG) were used as measures to provide and facilitate the interpretation of genotypic stability and adaptability of the plants. The different criteria mentioned were applied as an alternative to the simulation of selection for productivity, establiity, adaptability, and with the three attributes simultaneously, were estimated with the mixed model methodology with genetic effects pre-assumed to be random. The transformation or correction of the data, performed with the ratio ( $h_i/h_{im}$ ) between the square root of heritability in locality  $i$  and the mean of square roots of heritability in each locality, has presented higher efficiency than the non-correction as well as the data correction obtained with the phenotypic standard deviation ( $\hat{\sigma}_f$ ) usually used. Statistics obtained with MHVG, PRVG and MHPRVG proved to be usefull to simulate the selection of individuals with the attributes considered, providing options for the sorting of strategies and criteria by considering different values for the estimated genetic gains. Additionally, results of joint analysis of data from different locations have confirmed that high magnitude gains can be obtained for diameter growth though the selection of individuals based on their genetic values. This can be achieved either with thinning of the trial, resulting in a seed orchard or with vegetative propagation of the best individuals for the establishment of a clonal seed orchard. From the results obtained for genetic correlation among locations, one single Selected Population and just one Clonal Seed Orchard can be established that represents all regions of the three experimental locations which in turn implies investment savings. Genetic variability was achieved with the moderates values obtained from individual heritability, in the narrow sense, for growth in DBH in the three locations studied. The adoption of strategies and criteria proposed for the selection will enable the composition of a selected population with two hundred individuals of high genetic value and an adequate effective number of families, producing gains for DBH between 12.89% and 24.33% in relation to the overall experimental average, for the establishment of a seed orchard. The selection of twenty individuals with the highest breedin values, for the establishment of a clonal seed orchard may provide gains for DBH between 17.18% and 50.95% in relation to the experimental average. On the other hand, selection of the best twenty individuals, with the highest genotypic values for the establishment of a seed orchard, may provide gains for DBH between 22.40% and

82.16%, in relation to the experimental average, for clonal plantations produced with the selected material.

Key-words: quantitative genetics, eucalypt improvement, linear models, prediction of genetic values, REML/BLUP, effective population size; heterogeneity of variances.

## 1 INTRODUÇÃO

No Brasil, as plantações florestais com bases sustentadas são formadas por poucas espécies nativas da região Norte e espécies dos gêneros *Pinus* e *Eucalyptus* nas demais regiões, com *Pinus* destacando-se mais na região Sul e *Eucalyptus* nas regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste. O interesse por espécies de rápido crescimento, como fonte de matéria prima para usos múltiplos tem aumentado de maneira significativa nos últimos anos. As restrições impostas ao uso de madeiras provenientes de florestas tropicais nativas, aliada à necessidade imperiosa de suprir o mercado interno, têm sido apontadas como um dos principais fatores que levaram à busca de espécies de rápido crescimento e o desenvolvimento de tecnologias apropriadas ao atendimento da demanda das indústrias (ASSIS, 1999).

De acordo com Roxo (2003), o setor florestal brasileiro destaca-se no cenário mundial devido à diversidade das florestas nativas e à capacidade produtiva das florestas plantadas. Atualmente, o Brasil possui, aproximadamente, cinco milhões de hectares de florestas plantadas, das quais 64% são florestas de eucalipto presentes em pouco mais de quinhentos municípios brasileiros. Essas florestas de eucalipto suprem apenas um terço do total da demanda anual e atual de madeira, com o consumo situado na faixa dos trezentos milhões de metros cúbicos.

Apenas 6% do total da demanda anual de madeira são atribuídos à produção de celulose e papel (100% oriunda de florestas plantadas), sendo os restantes 9% e 85% da madeira atribuídos, respectivamente, aos produtos sólidos e madeira para energia (ROXO, 2003).

Conforme relatado pela Bracelpa (2004), o setor florestal brasileiro vem apresentando um significativo desempenho e participação no desenvolvimento sócio-econômico nacional, gerando um PIB superior a US\$ 20 bilhões, equivalente a 4% do PIB nacional, propiciando quase dois milhões de empregos (setecentos mil diretos) e divisas anuais de aproximadamente US\$ 4,5 bilhões, representando 8% do total das exportações brasileiras.

Em 2003, o setor florestal exportou aproximadamente US\$ 3,1 bilhões, gerando um saldo comercial de US\$ 2,5 bilhões, com o recolhimento de aproximadamente R\$1,7 bilhão em impostos. Os segmentos industriais de celulose e papel, nos últimos anos, têm produzido médias anuais de aproximadamente nove e oito milhões de toneladas, respectivamente, conferindo-lhes a sétima e décima primeira colocações na lista dos maiores produtores mundiais (BRACELPA, 2004).

A principal vantagem competitiva do Brasil é a sua tecnologia florestal, baseada em programas de melhoramento genético e de multiplicação clonal do eucalipto desenvolvidos nos últimos trinta anos. Para González *et al.* (2002), todo esse conhecimento científico e tecnológico gerou um ganho na produtividade das plantações florestais, passando de 20 m<sup>3</sup>/ha.ano (oito árvores/m<sup>3</sup>), no início da década de 1970, para 50 m<sup>3</sup>/ha.ano (3,1 árvores/m<sup>3</sup>), em 1999. O melhoramento genético da madeira de eucalipto baseia-se principalmente nos critérios de produtividade das árvores por hectare, sendo que os parâmetros tecnológicos, como é o caso da qualidade da madeira, também deveriam ser devidamente considerados nos programas de seleção.

Ainda, segundo Roxo (2003), embora apresentem certas vantagens que possibilitam um setor florestal globalmente competitivo, principalmente devido aos fatores: (i) taxa de crescimento das espécies de eucalipto e pinus (dez vezes maior que aquelas do hemisfério norte); (ii) dimensões continentais; (iii) disponibilidade de áreas para plantios; (iv) domínio tecnológico; (v) facilidade de acesso marítimo; (vi) gestão profissional; e (vii) mão-de-obra qualificada, as indústrias florestais brasileiras podem e devem ter seu aproveitamento muito melhorado, ainda. Com grande vocação para atividades agropecuárias e florestais, é um paradoxo que a atual participação do Brasil no comércio internacional de produtos florestais represente apenas 1,5% do total (US\$ 290 bilhões), comparativamente à participação de países como o Canadá (20,5%), Estados Unidos da América do Norte (11,6%), Finlândia (7,6%), dentre outros. A demanda industrial atual de madeira de eucalipto e pinus já é maior que a oferta, anteriormente auto-suficiente, levando à falta de madeira dessas espécies, a partir de 2004, o que limitará o crescimento do setor, com necessidades de importação de madeira de outros países, elevação dos preços da



madeira no mercado interno e maior pressão de consumo sobre as florestas naturais (ROXO, 2003).

Diante da necessidade de aumentar a oferta de madeira de florestas plantadas, torna-se imprescindível introduzir ou aperfeiçoar técnicas que contribuam eficientemente para o aumento da produtividade e melhoria da qualidade das plantações, conferindo-lhes sustentabilidade dos sistemas de produção, sem prejuízos ao ambiente.

A produtividade média de madeira de eucalipto dobrou, nos últimos trinta anos, graças aos ganhos decorrentes da aplicação de métodos de melhoramento genético, dentre outros meios de otimização da produção. Desde que haja o correto emprego de material genético com potencial para seleção e de técnicas apropriadas de melhoramento, ganhos crescentes de produtividade ainda poderão ser obtidos, principalmente para espécies no início de domesticação, como é o caso do eucalipto. A exploração da variabilidade pela seleção de melhores genótipos é um meio eficiente para o aumento de alelos favoráveis controlando as características desejáveis, ao longo das gerações, resultando no aumento ou melhoria das características almejadas.

Considerados estes antecedentes, o presente trabalho tem os seguintes objetivos:

a) estimar os parâmetros genéticos e predizer ganhos esperados com a seleção englobando 53 famílias de três procedências de sementes de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden, estabelecidas em três locais do Estado de São Paulo, com base no crescimento em diâmetro, para comporem uma População de Melhoramento, com tamanho efetivo populacional adequado;

b) estudar a interação genótipo x ambiente, simulando diferentes critérios e estratégias de seleção de indivíduos e famílias, buscando alternativas que privilegiem a produtividade, estabilidade e adaptabilidade, simultaneamente, para a implantação de pomares de sementes por mudas e clonais, e da população selecionada a integrar o programa de melhoramento da espécie; e

c) testar diferentes formas de correção de dados para o caráter diâmetro, como forma de considerar a heterogeneidade de variâncias manifestadas nos locais experimentais.

Para os referidos objetivos, as seguintes hipóteses são estabelecidas:

(i) uma vez que o procedimento ótimo atual de estimação/predição no melhoramento de plantas e animais é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), que tem fornecido bons resultados para diversas espécies perenes, então, se aplicado ao eucalipto, por meio do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, também fornecerá bons resultados; e

(ii) pelos estudos de interação genótipo ambiente, nos locais experimentais, em função da magnitude da variação genética presente e das respostas das progênies e procedências às condições ambientais, poder-se-á fornecer subsídios aos programas de melhoramento da espécie, contemplando diferentes possibilidades de seleção e propagação dos melhores genótipos, contribuindo para o aumento da produtividade florestal e sustentabilidade dos sistemas de produção.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 O GÊNERO *EUCALYPTUS*

#### 2.1.1 Características gerais

O eucalipto pertence à divisão *Angiospermae*, classe *Dicotyledonea*, ordem *Myrtales*, família *Myrtaceae* e gênero *Eucalyptus*, com muitas espécies, subespécies e alguns híbridos naturais, sendo também notórias as variedades fenotípicas intraespecíficas decorrentes de condições ambientais ou da hibridação (BERTOLUCCI *et al.*, 1995). É um dos gêneros predominantes da flora australiana, estendendo-se das áreas sub-alpinas às florestas úmidas costeiras, às florestas temperadas e à zona mais árida da Austrália.

O gênero está subdividido, taxonomicamente, em oito sub-gêneros informais, segundo Pryor (1976). O sub-gênero *Symphyomyrtus* é o grupo que apresenta a maior parte das espécies cultivadas no mundo, apresentando nove seções, das quais três contêm praticamente todas as espécies mais cultivadas como exótica: Seção *Transversaria* (*E. grandis*; *E. saligna*, *E. urophylla*); Seção *Exsertaria* (*E. camaldulensis*, *E. exserta*, *E. tereticornis*) e Seção *Maidenaria* (*E. globulus*, *E. viminalis*). De acordo com Nicolle (2004), o eucalipto compreende todas as plantas do gênero *Eucalyptus*, com quase oitocentos espécies, e as plantas dos gêneros *Angophora* (“apples”) e *Corymbia* (“bloodwoods”), esse último recentemente re-descrito.

Conforme Eldridge *et al.* (1994), as espécies do gênero *Eucalyptus* tiveram sua origem na Austrália e regiões próximas, como Timor, Indonésia, Papua Nova Guiné, Molucas, Irian Jaya e sul das Filipinas, mas confinadas predominantemente ao continente australiano, na faixa latitudinal entre 9°N e 45°S, encontrando-se amplamente distribuídas entre as altitudes de 30 m a 2.000 m. De acordo com Waugh (1998), as florestas australianas são dominadas por eucaliptos, onde mais de

720 espécies são reconhecidas, das quais aproximadamente uma centena é utilizada em produtos da madeira.

### 2.1.2 Importância

Uma ou mais espécies de eucalipto são cultivadas em muitos países, mas são poucas as espécies plantadas comercialmente. Provavelmente, não mais de vinte espécies e algumas poucas resultantes da hibridação interespecífica vêm sendo utilizadas, em escala comercial, em oitenta países da Ásia, da África, das Américas (Central, Norte e do Sul), da Europa, de alguns países do Mediterrâneo e de algumas Ilhas do Oceano Pacífico, compreendidos entre as latitudes de 40°N e 45°S (FLYNN, 1999). Nesses países, a produtividade do eucalipto é altamente variável, em função das condições ambientais, da espécie utilizada, da origem ou procedência do propágulo vegetal e seu grau de melhoramento, do tipo de manejo e controle dos fatores do meio.

Desde o uso inicial da madeira de eucalipto para a produção de celulose e papel, ocorrido na Europa, por volta de 1919, muitas espécies vêm ganhando crescente importância e tornando-se mundialmente expressivas. Uma substancial parte da celulose de espécies folhosas usadas na fabricação de papel para impressão e escrita é oriunda de plantações de eucalipto feitas pelos maiores produtores mundiais, principalmente Brasil, Índia, África do Sul, Portugal, Angola, Espanha, China, França e Japão. A tendência do comércio internacional de celulose de eucalipto, segundo Flynn (1999), continua motivando o estabelecimento de centenas de milhares de hectares de plantações no mundo. O uso da madeira de eucalipto para energia industrial também tem sido crescente em diversos países, como consequência da primeira crise mundial do petróleo.

Estimativas do ano de 1985 já indicavam que a área cultivada mundialmente era superior a seis milhões de hectares (ELDRIDGE *et al.*, 1994). Davidson (1998) fornece uma estimativa de 13,6 milhões de hectares plantados em todo o mundo com o gênero, mas ressalva que plantações com o propósito industrial devem totalizar cerca de 50% deste total, sendo a outra metade constituída de plantações

em escala não comercial destinadas à produção de lenha. Esse valor da área mundial plantada também é confirmado por Flynn (1999) e Silva (2004), os quais relatam que, dos quase cem países com programas de reflorestamento no mundo, somente 58 deles o fazem em grande escala. No Brasil, atualmente, as plantações de eucalipto, com propósito industrial, somam aproximadamente três milhões de hectares.

O emprego industrial da madeira de eucalipto no Brasil tem sido marcante, com plantações estabelecidas para a produção de celulose, papel, carvão vegetal destinado às siderurgias, como forma alternativa de substituição do carvão mineral. Também, presta-se, à fabricação de lâminas e compensados de madeira e painéis de madeira reconstituída, tais como as chapas de fibras, os aglomerados de madeira, “MDF” (fibras de média densidade) e “OSB” (painel de partículas orientadas), além de madeira serrada.

Espécies de eucalipto têm sido predominantemente utilizadas nos reflorestamentos brasileiros, devido ao seu rápido crescimento, capacidade de adaptação de determinadas espécies às diversas regiões ecológicas e pelo potencial econômico de utilização da sua madeira. Dentre as principais espécies utilizadas, *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden e seus híbridos interespecíficos, principalmente com a espécie *Eucalyptus urophylla*, continuam sendo as mais importantes, face ao seu uso intensivo e crescente nos segmentos industriais e, mais recentemente, para a produção de madeira serrada.

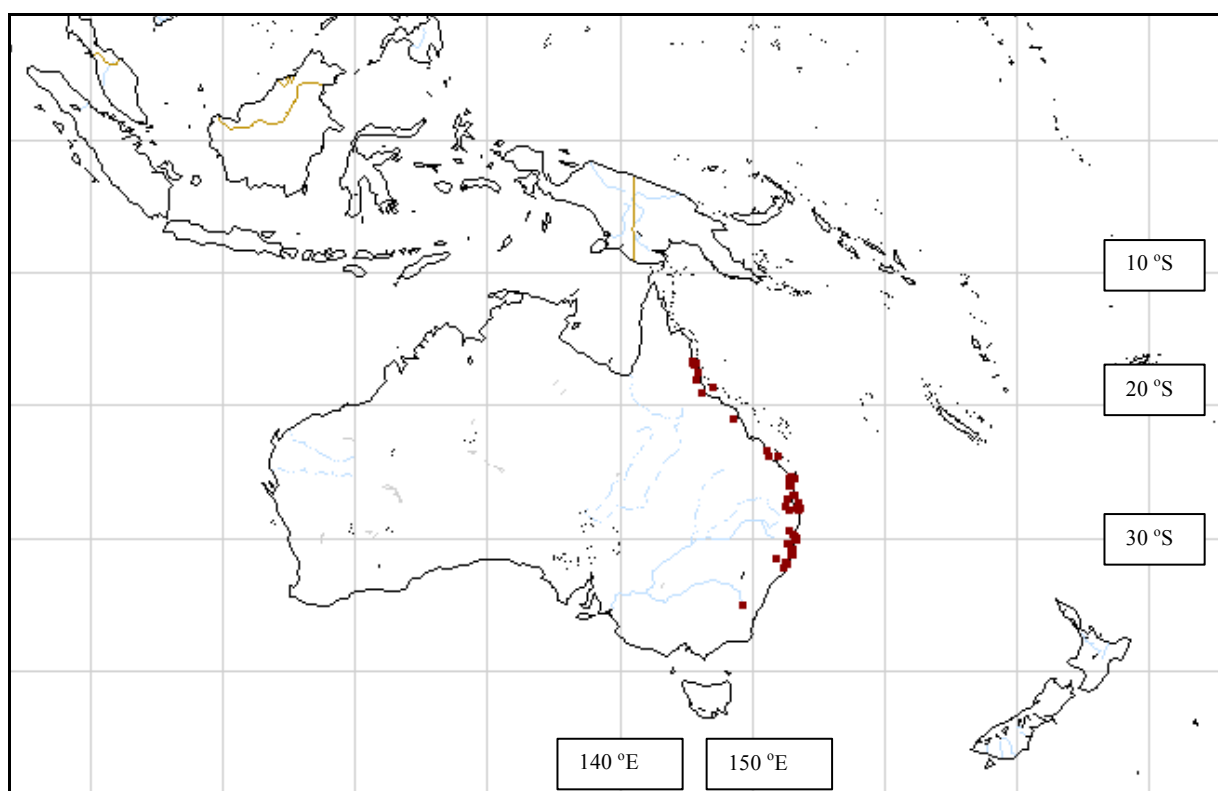
## 2.2 A ESPÉCIE *Eucalyptus grandis* W. HILL EX MAIDEN

### 2.2.1 Área de ocorrência natural e habitat

Conforme Embrapa (1986), a principal área de ocorrência natural de *E. grandis* situa-se ao norte de Nova Gales do Sul e ao sul de Queensland (QLD), entre as latitudes 25° e 33° Sul, ocorrendo ainda no centro (latitude 21° Sul) e no norte (16° a 19°S) de Queensland (Figura 1). As altitudes variam desde aquelas próximas ao mar

até 600 m, na área de maior ocorrência, e entre 500 e 1.100 m, nas áreas mais ao norte (Atherton-QLD).

Ocorre em solos aluviais ou de origem vulcânica, nos vales e planícies ao longo da costa leste australiana, estendendo-se até o limite de Queensland-Nova Gales do Sul. Existem outras duas populações que se estendem ao planalto de Atherton, na latitude de 13°S. Cresce melhor nos solos com textura argilosa de origem aluvial ou vulcânica, profundos, mais úmidos, mas bem drenados. Na área de ocorrência natural, árvores de grande porte crescem em florestas quase puras ou mistas. As principais espécies associadas com *E. grandis*, nessas últimas, são *E. intermedia*, *E. pilularis*, *E. microcorys*, *E. resinifera* e *E. saligna*, bem como *Syncarpia glomulifera*, *Tristania conferta* e *Casuarina torulosa* (BOLAND et al., 1984).



FONTE: Plant Distribution Mapper – CANB SPECIMEN RECORDS - AUSTRALIA  
[http://www.anbg.gov.au/cgi-bin/map/winmap?taxon\\_id=21109](http://www.anbg.gov.au/cgi-bin/map/winmap?taxon_id=21109)

FIGURA 1 - ÁREA DE OCORRÊNCIA NATURAL DE *EUCALYPTUS GRANDIS*

De acordo com Embrapa (1986), o clima varia de subtropical úmido (sul) ao tropical úmido (Atherton-QLD). Na principal área de ocorrência, a temperatura média das máximas do mês mais quente situa-se entre 24° e 30 °C e a média das mínimas do mês mais frio entre 3° e 8°C. Para as áreas ao norte, os valores variam de 29° a 32°C e 10° a 17°C.

As áreas costeiras são livres de geadas, enquanto que, nos locais de maior altitude, longe da costa, podem ocorrer geadas ocasionais. A precipitação pluviométrica média anual situa-se entre 1.000 a 3.500 mm, com maior concentração no verão, principalmente no centro e no norte de Queensland. A estação seca não ultrapassa três meses (EMBRAPA, 1986).

## 2.2.2 Biologia floral e sistema reprodutivo

As flores de eucalipto são morfologicamente bissexuadas (hermafroditas), com órgãos masculinos e femininos na mesma flor, onde ocorrem tanto a fecundação cruzada como a autofecundação (PRYOR, 1976), com amplos padrões de cruzamento, incluindo os dois extremos, ou seja, desde a autofecundação causada por cleistogamia (VENKATESH *et al.*, 1973), até a fecundação cruzada obrigatória, em razão da auto-incompatibilidade (PRYOR, 1957; HODGSON, 1976), da macho esterilidade ou da esterilidade feminina (CARR *et al.*, 1971). Nas populações naturais, as espécies cultivadas de eucalipto exibem um sistema de cruzamento misto, mas predominantemente de alogamia (MORAN e BELL, 1983).

A polinização é realizada predominantemente por insetos, particularmente por abelhas. O estigma não é receptivo até que o pólen seja liberado da flor (QUINTIN, 2003). O eucalipto, durante o seu ciclo de vida, tem um sistema de cruzamento, com taxas relativamente altas de polinização cruzada, mantidas por protandria e vários níveis de auto-incompatibilidade, reforçada pela seleção contra autofecundação (PHILLIPS e BROWN, 1977). Beardsell *et al.* (1993) sugerem que isso pode ser o principal mecanismo controlador da taxa de polinização cruzada da espécie.

### 2.2.3 Importância de *Eucalyptus grandis*

A opção pelo *Eucalyptus grandis* no Brasil, segundo Tomaselli (2000), resulta da sua excelente resposta silvicultural, como boa forma e rápido crescimento, além de propriedades desejáveis para usos múltiplos da sua madeira. Da área total atual plantada com espécies de eucalipto no Brasil (aproximadamente três milhões de hectares), *E. grandis* e seus híbridos interespecíficos perfazem 50% (1,5 milhão de hectares), cuja madeira é destinada às indústrias de celulose, papel, de painéis reconstituídos, serrarias e lenha para energia (SBS, 2003).

De acordo com Florestar Estatístico (2003), o Estado de São Paulo apresenta uma área reflorestada de aproximadamente 926 mil hectares, sendo 768 mil hectares de eucaliptos e 158 mil hectares de pinus. *E. grandis* e seus híbridos interespecíficos contribuem com 24,74% (190 mil hectares) do total desta área, em São Paulo. A madeira de eucalipto tem sido responsável por 65 a 70% do total de pasta celulósica produzida na última década (BRACELPA, 2004), sendo que *E. grandis* e seus híbridos interespecíficos têm tido uma expressiva participação desse total.

## 2.3 CARACTERÍSTICAS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL

De acordo com Resende (2002a), o sucesso de um programa prático de melhoramento genético de espécies perenes depende fundamentalmente de conhecimentos sólidos de, no mínimo, quatro áreas: (i) conhecimento do produto final de interesse, com suas relações industriais e mercadológicas, exigências qualitativas e formas de uso pelo consumidor; (ii) conhecimento do germoplasma disponível para a obtenção de tais produtos, notadamente da variação biológica entre espécies do gênero, entre populações dentro de espécie e dentro de populações; (iii) conhecimento dos fatores ambientais que interferem na expressão fenotípica, tais como os fatores edáficos, climáticos e técnicas de cultivo das plantas e de colheita dos produtos; e (iv) conhecimento de metodologias de seleção e de



melhoramento, destacando-se o emprego eficiente das técnicas de genética quantitativa.

### 2.3.1 Antecedentes

O primeiro programa de melhoramento genético de eucaliptos foi elaborado por C.A. Krug, em 1941, e as sementes disponíveis para os plantios até a década de 1960, eram provenientes de parcelas experimentais ou talhões desbastados, sem isolamentos contra pólen indesejáveis e, portanto, com baixa qualidade genética. No conceito atual, essas fontes de sementes teriam uma qualidade equivalente a uma situação intermediária entre Área de Coleta de Sementes (ACS) e uma Área de Produção de Sementes (APS). De um modo geral, os plantios originados dessas sementes apresentavam alta porcentagem de híbridos interespecíficos (FERREIRA e SANTOS, 1997).

Os primeiros Pomares Clonais de Sementes (PCS) de eucalipto, estabelecidos somente no final da década de 1960, para atender à demanda crescente de sementes, foram oriundos da propagação de árvores selecionadas fenotipicamente, das melhores plantações existentes ou de áreas experimentais (FERREIRA e SANTOS, 1997).

No início da década de 1970, foram instalados os primeiros testes de progênies e iniciada a re-introdução de germoplasmas, com base genética apropriada, de espécies e procedências selecionadas. As atividades relacionadas com a produção de sementes melhoradas de eucaliptos foram priorizadas principalmente nas décadas de 1970 e 1980 (RODRIGUEZ, 2004).

A ocorrência do cancro basal, causado pelo fungo *Cryphonectria cubensis*, em plantações de eucaliptos no Espírito Santo, agilizou a introdução e aperfeiçoamento de técnicas de seleção e de propagação vegetativa, para a obtenção de plantas produtivas resistentes à doença, pelo uso das estimativas de herdabilidade, no sentido amplo (RODRIGUEZ, 2004). Essa técnica foi empregada, inicialmente pela empresa Aracruz Florestal, a partir de 1979, com o estabelecimento dos primeiros plantios clonais homogêneos e resistentes ao referido fungo, e com altos ganhos de

produtividade (FERREIRA e SANTOS, 1997). Além do volume de madeira, a seleção de plantas propagadas vegetativamente passou a considerar caracteres relacionados à qualidade da madeira, proporcionando à silvicultura clonal do eucalipto, ganhos superiores a 200% (RODRIGUEZ, 2004).

Apesar dos esforços empregados na década de 1990, constata-se que os níveis de acréscimo da produtividade não foram tão significativos quanto os das décadas de 1970 e 1980 (FERREIRA e SANTOS, 1997). Segundo Rodriguez (2004), além da consideração dos caracteres quantitativos e qualitativos da madeira, três importantes aspectos podem ser citados e que têm contribuído para a otimização dos resultados obtidos nos programas de melhoramento florestal, nos últimos dez anos: (i) o uso de programas computacionais para a análise de dados experimentais e seleção genética de árvores; (ii) visão holística decorrente da participação de diferentes especialistas na definição de estratégias de melhoramento; e (iii) integração das áreas de manejo e melhoramento, no desenvolvimento multidisciplinar da pesquisa.

Mais recentemente, conforme enfatizam Ferreira e Santos (1997), dois outros aspectos importantes associados ao melhoramento de plantas têm despertado o interesse no setor florestal, que são a manutenção da produtividade biológica ao longo prazo, e a manutenção da capacidade biológica e física do sítio. Alguns programas de melhoramento genético já incluem a seleção de material genético mais eficiente na utilização da água e nutrientes e que sejam mais estáveis às mudanças climáticas.

### 2.3.2 Germoplasma para a seleção

A restrição da base genética é um fator limitante para os programas de melhoramento (HIGA *et al.*, 1997). Por isso, a escolha adequada do número e caracteres dos genitores, evitando o comprometimento futuro dos programas, deve ser um fator importante a considerar.

Como o objetivo do melhoramento genético é o aumento contínuo da expressão de caracteres de interesse (elevar a frequência de alelos favoráveis), deve-se trabalhar com população-base que apresente alto valor para média dos

caracteres e variabilidade genética ampla. A seleção de populações é uma etapa importante tanto para a determinação de fontes de sementes para plantio quanto para a identificação do germoplasma-base para seleção.

A etapa de identificação de germoplasma-base, para a formação da população-base, baseia-se comumente na realização de testes de procedências, para se inferir sobre a média populacional, ou nos testes de procedências e progênes, para se inferir sobre a média populacional e variabilidade genética (KAGEYAMA e DIAS, 1985). A repetição desses ensaios em diferentes locais é importante para avaliar também uma possível interação de genótipos x ambientes (KANASHIRO, 1992).

O termo procedência de semente é usado para diferenciar materiais genéticos testados na área florestal, indicando a localização geográfica e ambiental das árvores ou populações fornecedoras do material genético reprodutivo de um determinado local (FERREIRA e ARAUJO, 1981). De acordo com Matheson e Raymond (1984), a área de abrangência da procedência é, comumente, menor que a da população e, além disso, uma população pode ser dividida em mais de uma procedência.

Nas espécies alógamas das florestas tropicais, tem-se verificado que a distribuição da variabilidade genética total das espécies é maior dentro de populações do que entre as populações (HAMRICK e LOVELESS, 1986), como é o caso dos estudos de variabilidade genética com progênes e procedências de *E. grandis* (KAGEYAMA, 1983; DIAS e KAGEYAMA, 1991). Pode-se inferir, com base nos argumentos de Resende *et al.*, (1995a) que se pode trabalhar com um número reduzido de populações, porém, com um grande número de famílias.

Assim, a seleção de indivíduos com maiores valores genéticos, utilizando informações de progênie e procedência, independentemente da procedência a que pertençam, se apresenta como a estratégia mais plausível em detrimento da seleção de procedências. Este procedimento é bastante vantajoso em termos de variação genética, pois o cruzamento de indivíduos selecionados de diferentes procedências deverá conduzir a ampliação da base genética da população resultante (RESENDE *et al.*, 1997).

### 2.3.3 Seleção e métodos de seleção

#### 2.3.3.1 Seleção

Seleção é definida como a reprodução diferencial dos diferentes genótipos na natureza (seleção natural) ou aquela promovida pelo homem (seleção artificial). Ela atua promovendo a alteração das frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob seleção, modificando a média genotípica da população. Na seleção artificial, atua-se em duas etapas básicas: (i) a predição do valor genético dos indivíduos; e (ii) a decisão sobre como utilizar os indivíduos que apresentam os maiores valores genéticos preditos (RESENDE 2002a).

A definição correta do objetivo da seleção é um requisito essencial para a obtenção de sucesso nos programas de melhoramento genético. O objetivo da seleção ou do melhoramento pode ser definido como o caráter econômico final, único ou um conjunto de caracteres agrupados, para os quais se deseja obter um dado ganho genético. O critério de seleção representa o caráter ou o conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, com a finalidade de avaliar e ordenar os candidatos à seleção, para o caráter objetivo do melhoramento. Para a definição do objetivo da seleção, deve-se proceder à correta avaliação do produto de interesse e de informações econômicas dos componentes deste produto. Já a definição do critério de seleção depende de informações sobre os parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidades, repetibilidades e correlações genéticas e fenotípicas associadas aos caracteres) e também das informações econômicas, notadamente das importâncias econômicas relativas entre os caracteres (RESENDE, 2002a).

Quatro situações são colocadas por Resende e Rosa-Pérez (1999a): (i) objetivo da seleção é um único caráter e o critério de seleção é o mesmo caráter (seleção direta); (ii) objetivo da seleção é um único caráter e o critério de seleção é outro caráter (seleção indireta); (iii) objetivo da seleção é um único caráter e o critério de seleção é baseado em uma combinação de vários caracteres (seleção empregando caracteres auxiliares ao melhoramento); e (iv) objetivo da seleção é um agregado de caracteres e o critério de seleção é baseado em uma combinação desses caracteres (seleção simultânea), por meio do índice de seleção.

Geralmente, os critérios de seleção são variáveis entre os melhoristas, mesmo quando os objetivos do melhoramento possam ser os mesmos. Ponzoni (1986) recomenda, na seguinte ordem, o estabelecimento dos procedimentos a serem adotados no delineamento de programas de melhoramento: (i) definição do objetivo do melhoramento; (ii) escolha dos critérios de seleção em termos de caracteres; (iii) organização dos serviços de coletas de dados; (iv) uso das informações obtidas para decisões quanto à seleção; e (v) utilização e cruzamento dos indivíduos selecionados.

Atualmente, nos estudos de melhoramento florestal, para a obtenção de árvores superiores de importância econômica, são necessários muitos cálculos estatísticos para discriminar materiais mais promissores, sob vários contextos, e verificar se os indivíduos selecionados apresentam os atributos de superioridade, principalmente, genético e evolutivo (CRUZ, 1990).

A dificuldade de seleção é devida à complexidade da base genética do material experimental e à influência acarretada pelo efeito ambiental. Assim, os programas de melhoramento genético apresentam normalmente três etapas: primeiro, escolhem-se os genitores que irão compor uma população-base; depois, faz-se a seleção dos indivíduos superiores nessa população e, finalmente, realiza-se a avaliação destes em um grande número de ambientes, cujo objetivo é a obtenção de genótipos com alta produtividade, que serão recomendados comercialmente (CROSSA, 1990).

Dessa forma, a adaptabilidade do material genético, isto é, a capacidade de resposta do indivíduo à melhoria do ambiente (RESENDE *et al.*, 1995a) é ponto básico a ser considerado nos estudos de melhoramento genético de plantas. A eficiência de adaptação das espécies quando introduzidas em locais que não os da origem, depende de uma série muito grande de influências bióticas e de interações edáficas e climáticas (LÓPEZ e FORNÉS, 1997). A estabilidade, por outro lado, trata da capacidade de um genótipo exibir um desempenho o mais constante possível em função de variações ambientais. Assim, as respostas diferenciadas dos genótipos às diferentes condições do ambiente reforçam a importância de estudos dessa natureza que, aliados à necessidade de alta produtividade e à qualidade dos materiais genéticos nos vários ambientes, tornam-se os principais motivadores dos programas de melhoramento florestal.

A seleção altera os componentes de médias e variâncias dos valores genéticos e fenotípicos, por meio de mudanças nas frequências alélicas, desequilíbrio em fase gamética, endogamia e deriva genética. Em termos estatísticos, produz mudanças nos primeiros (médias) e segundos (variâncias) momentos das variáveis aleatórias de uma população base, causadas pela amostragem não aleatória dessa população. Sob um modelo poligênico puramente aditivo, mesmo para populações infinitas, a seleção direcional modifica a variância genética pela indução de desequilíbrio de ligação (LUSH, 1945; BULMER, 1971).

Para populações de tamanho finito, a seleção interfere na estrutura de família, aumentando a perda de variação genética pela endogamia (LUSH, 1946; ROBERTSON, 1961). Esse último autor estudou o efeito da seleção sobre o tamanho efetivo ( $N_e$ ), o qual se reduz progressivamente com o aumento da herdabilidade e da intensidade de seleção, em relação à população original.

Ao praticar a seleção em espécies perenes, pode-se ter como alvo, dois tipos de população melhorada de referência: (i) uma formada por descendentes dos indivíduos selecionados; e (ii) outra formada pelos próprios indivíduos selecionados, propagados por clones. O primeiro tipo corresponde à população da geração seguinte à seleção e o segundo tipo corresponde à população na mesma geração e clonada. Com isso, a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos passam a ter relevância, respectivamente para atender as populações-alvo referidas em (i) e (ii). Somente os efeitos aditivos dos alelos são transmitidos à descendência, via reprodução sexuada, na população de referência (i), porque na propagação clonal dos indivíduos selecionados, na população de referência (ii), capitalizam-se os efeitos aditivos e de dominância (RESENDE, 2002a).

Conforme ressaltada ainda por Resende (2002a), a acuidade (acurácia) de cada método de seleção depende fundamentalmente das fontes de informação utilizadas para a predição dos valores genéticos e da própria herdabilidade. Para um único caráter, as principais fontes de informação ou unidades de seleção estão associadas aos procedimentos de seleção: individual, de famílias, de irmãos, dentro de famílias, entre e dentro de famílias, combinada, pela progênie e pela metodologia de modelos mistos (modelo BLUP individual). Esse mesmo autor apresenta também

os estimadores para a avaliação de famílias em experimentos com número variável de plantas por parcela.

De maneira geral, os recursos genéticos de cada espécie são amplos e apenas uma pequena parte deles é usada normalmente nos programas de melhoramento. Por exemplo, o gênero *Eucalyptus*, que apresenta centenas de espécies, apenas cinco delas são mais comumente utilizadas na produção de celulose e papel (menos de 1%). Cotterill e Brolin (1997) demonstraram que as variações que ocorrem entre espécies, entre populações e dentro de populações de *Eucalyptus* são suficientes para o desenvolvimento de diferentes tipos de produtos, dentro do próprio setor de celulose e papel. Isto ressalta a importância do conhecimento dos recursos genéticos disponíveis para cada espécie ou gênero.

#### 2.3.3.2 Métodos de seleção

Dentre os vários métodos de seleção para espécies florestais, pode-se citar, em ordem cronológica de utilização no Brasil: (i) a seleção massal e a seleção entre e dentro de progênies (KAGEYAMA e VENCOVSKY, 1983); (ii) o índice de seleção multivariado (RESENDE *et al.*, 1990); (iii) seleção entre e dentro de progênies, com equivalência entre unidade de seleção e de recombinação (RESENDE, 1991); (iv) o índice de seleção univariado utilizando informações de parentes (BUENO FILHO, 1992; RESENDE e HIGA, 1994; PIRES *et al.*, 1996); e (v) o índice de seleção multivariado multi-efeitos (RESENDE, 1994). Para caracteres de baixa herdabilidade, o método mais eficiente é o índice multi-efeitos univariado ou multivariado, em termos de ganho genético, tamanho efetivo da população, acuidade e diferencial de seleção realizado (RESENDE *et al.*, 1995b). Os procedimentos Melhor Predição Linear - BLP (*Best Linear Prediction*) e Melhor Predição Linear Não-Viciada - BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) também têm sido empregados (RESENDE *et al.*, 1996b). O BLUP e o índice multi-efeitos são métodos equivalentes no caso de dados balanceados (RESENDE e FERNANDES, 1999).

Para as espécies perenes, os métodos de seleção podem ser classificados quanto às unidades de seleção, unidades de recombinação e quanto aos

procedimentos de predição de valores genéticos, devendo ser incluído também o critério de seleção, definido em função do objetivo do melhoramento. Quanto à unidade de seleção, os métodos podem ser aplicados dentro do bloco ou do experimento, dependendo do tipo de pomar a ser formado para a produção de sementes, sendo que inúmeros métodos univariados ou multivariados podem ser adotados, devendo ser escolhido o melhor para cada caráter particular e estrutura de experimentação (RESENDE e HIGA, 1994). De maneira geral, os métodos mais eficientes são aqueles que se baseiam nos índices de seleção incluindo informações sobre a média de família e do indivíduo (COTTERILL e DEAN, 1990; RESENDE e HIGA, 1994) ou, mais precisamente, que incluem todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico (RESENDE, 2002a).

Nas espécies perenes, a unidade de recombinação pode constituir-se dos próprios indivíduos (coincidindo unidade de seleção e de recombinação) ou de parentes (geralmente pais, irmãos ou sementes remanescentes do mesmo genitor) dos indivíduos avaliados (RESENDE, 1999a).

A seleção direta é a maneira mais fácil e prática de se obter ganhos, já que um único caráter está envolvido no processo (PAULA, 1997). Várias expressões são empregadas para o cálculo da resposta à seleção direta (EBERHART, 1979; VENCovsky, 1987); VENCovsky e BARRIGA, 1992; CRUZ e REGAZZI, 1994; RESENDE, 2002a). Um dos inconvenientes da seleção direta é o fato do melhoramento sempre visar simultaneamente a melhoria de vários caracteres e não apenas um. Como na seleção direta, várias são as expressões que descrevem o progresso genético advindo da seleção indireta (CRUZ e REGAZZI, 1994).

O método do índice multi-efeitos pode ser utilizado eficientemente na seleção envolvendo experimentos com alta taxa de sobrevivência e balanceados. Nos demais casos, o procedimento BLUP individual tende a ser mais acurado (RESENDE, 2000).

Para o gênero *Eucalyptus*, Resende e Bertolucci (1995) comprovam que a seleção pelo índice multi-efeitos é sempre superior à seleção combinada nos seguintes aspectos: maior ganho genético, maior acuidade, maior tamanho efetivo populacional e maior intensidade de seleção realizada, além de considerar o efeito de parcelas.



De maneira geral, a definição do melhor método para a seleção de árvores superiores é fundamentado pelo objetivo da seleção, que pode ser definido por um único caráter de interesse ou por um conjunto de caracteres, e pelo sistema de propagação, vegetativa ou via sementes. De acordo com Resende *et al.* (1995a), para a propagação sexuada, a seleção deve basear-se nos valores genéticos dos candidatos à seleção, os quais são funções apenas dos efeitos gênicos aditivos. Para a propagação assexuada, a seleção deve basear-se nos valores genotípicos dos candidatos à seleção, que é função do genótipo integral, ou seja, dos efeitos gênicos aditivos e não-aditivos.

No melhoramento de eucalipto, no Brasil, duas modalidades de índices de seleção têm sido empregadas: índices univariados ou multivariados. As principais variações dos índices de seleção utilizados nos programas de melhoramento do eucalipto são fornecidas por Resende (2002a) e Lavoranti (2003).

#### 2.3.4 Delineamentos de cruzamentos

Os delineamentos de cruzamento são extremamente importantes no contexto das estratégias de melhoramento genético. Considerando os objetivos dos testes de progênie, quais sejam: (i) avaliar o valor genético dos progenitores; (ii) estimar os parâmetros genéticos; (iii) prever os ganhos genéticos realizados; e (iv) gerar populações-base para novas seleções, os delineamentos devem ser definidos com base nesses objetivos.

Os delineamentos de cruzamentos referem-se aos tipos de progênie a serem avaliadas na população experimental e, portanto, relacionam-se com a eficiência de seleção (RESENDE, 2001). Segundo Burdon (1992), para a avaliação da capacidade geral de combinação dos genitores, um número de quatro a cinco cruzamentos com outros genitores tem sido sugerido como adequado. Contudo, os seguintes requisitos devem ser observados na geração de uma população-base adequada: (i) grande número de indivíduos e razoável número de cruzamentos propiciando uma alta intensidade de seleção; (ii) possibilidade de gerenciamento do parentesco entre indivíduos, por meio de informações de genealogia geradas por

cruzamentos controlados; (iii) grande tamanho efetivo da população; e (iv) garantia de que cada genitor não tenha sido cruzado apenas com genitores bons ou ruins. Nesse sentido, alguma forma de seleção de cruzamentos ou a utilização de policruzamentos (polinização cruzada) são altamente desejáveis (RESENDE, 2001).

A descrição prática dos diferentes delineamentos pode ser vista no trabalho de Shimizu *et al.* (1982). Para alguns delineamentos de cruzamento, Resende (2002a) discute e apresenta as principais características, relacionando as vantagens e desvantagens de 14 tipos de delineamentos. Considerando a eficiência e facilidade operacional, Cotterill (1989) indica o delineamento dialélico parcial, o fatorial desconexo e o meio dialélico desconexo, como os mais recomendados.

Conforme propostas de Burdon e Shelbourne (1971) e Buijtenen (1976), a otimização de diferentes delineamentos de cruzamento, para a seleção de genitores e seleção de indivíduos nos testes de progênie, pode ser obtida pelo emprego de dois ou mais delineamentos complementares e necessários devido a probabilidade de ocorrência de endogamia, que surge nas populações de melhoramento mais avançadas. De acordo com Burdon e Buijtenen (1990), delineamentos complementares têm sido usados freqüentemente, com ênfase em um tipo de delineamento para a seleção de genitores e, em outro, para a criação da população-base à seleção.

Para estimação de parâmetros genéticos, Huber *et al.* (1992) concluíram que o delineamento com progênie de meios-irmãos (policruzamento ou polinização aberta) conduz a estimativas mais exatas da herdabilidade, no sentido restrito.

### 2.3.5 Estrutura de populações

O termo estrutura de populações refere-se à subdivisão da população de melhoramento, como forma de atender aos seus objetivos de propiciar ganhos genéticos no curto, médio e longo prazo. Foi denominada "núcleos de melhoramento ou cruzamento", inicialmente desenvolvida para o melhoramento animal, e posteriormente adaptada ao melhoramento florestal, por Cotterill (1989) e Cotterill *et al.* (1989). Baseia-se na divisão da população de melhoramento em duas

subpopulações (dois níveis): (i) núcleo de cruzamentos ou população elite; e (ii) população principal. Conforme Resende (2001), o núcleo de cruzamento constitui-se dos indivíduos com maiores valores genéticos, enquanto a população principal contém o restante dos indivíduos. Os dois segmentos são selecionados para o mesmo caráter objetivo e maiores esforços aos cruzamentos e testes são alocados para a subpopulação do núcleo, podendo ser inclusive adotado o procedimento de delineamento de cruzamento diferente para as duas subpopulações. Dessa forma, o tipo de estrutura enfatiza o maior uso dos indivíduos com maiores valores genéticos.

Na estrutura “núcleos de melhoramento”, alguns indivíduos podem ser transferidos à subpopulação principal, visando aumentar a sua taxa de melhoramento, neste caso denominado de núcleo fechado de melhoramento. Na estrutura de núcleo aberto de melhoramento, os indivíduos da subpopulação principal também são transferidos ao núcleo, visando aumentar a variabilidade genética e amenizando a endogamia, mas com a desvantagem do aumento do parentesco entre as duas subpopulações (RESENDE, 2001). Mais recentemente, uma estrutura aberta em três níveis, inicialmente delineada para o melhoramento animal, foi proposta e estudada para espécies florestais, por Resende (1999b).

No melhoramento de espécies perenes, uma consideração importante na comparação entre as três estruturas é a possibilidade de ocorrência de interação genótipo x ambiente. Considerando a existência de dois ambientes, a utilização de dois núcleos fechados é melhor se a correlação genética entre o desempenho nos dois ambientes for inferior a 0,80, enquanto que, se cada população possui seu próprio ambiente, um sistema de núcleos abertos é melhor desde que a correlação genética média entre desempenho nos vários ambientes for superior a 0,55 (DELBOSQUE-GONZALES e KINGHORN, 1987). Uma estrutura otimizada de três níveis propicia ganho genético mais rápido, fornecendo o limite superior do progresso genético possível com a estrutura de núcleos abertos (JAMES, 1989).

Resende (1999a) fornece uma revisão detalhada sobre tamanho e estruturas de populações de melhoramento. Dentre as principais empregadas no melhoramento florestal, destacam-se: (i) núcleo de cruzamento (COTTERILL, 1989; COTTERILL *et al.*, 1989); (ii) sublinhas (BUIJTENEN e LOWE, 1979); e (iii) multiplicações (NAMKOONG *et al.*, 1980). As três estruturas são opções razoáveis

para otimizar ganhos genéticos no curto, médio e longo prazos, pois permitem enfatizar o uso de indivíduos com os maiores valores genéticos e gerenciar a endogamia na população de produção comercial.

Estruturas de melhoramento em três níveis existem em alguns sistemas de produção de ovinos (CARRICK e ENGLAND, 1990) e receberam um tratamento mais formal por Shepherd e Kinghorn (1992) e Shepherd (1997). A estrutura em três níveis proporciona redução na taxa de endogamia e aumento no tamanho efetivo populacional total, quando comparada à estrutura em dois níveis. Este efeito benéfico advém da proporção assintótica de alelos contribuídos pelos diferentes níveis. Resende e Rosa-Pérez (1999b) propõem uma estrutura hierárquica em três níveis, considerando rigorosamente a questão dos limites seletivos e suas conseqüências para o melhoramento, no longo prazo. Tal estrutura considera os tamanhos efetivos ( $N_{ef}$ ) de dez, cinquenta e cem, respectivamente para as populações do núcleo, principal (melhoramento) e de conservação (baseada na seleção dentro de progênie, de apenas um indivíduo em cada família). Adicionalmente, esses mesmos autores consideraram que o núcleo, a cada geração, é formado por 50%, 30% e 20% de indivíduos do próprio núcleo, da população principal e da população de conservação, respectivamente, e que a população principal, a cada geração, é formada por 50%, 30% e 20% de indivíduos da própria população principal, do núcleo e da população de conservação, respectivamente (RESENDE, 2002a).

#### 2.3.5.1 Tamanho efetivo populacional e endogamia

O tamanho efetivo populacional, da forma conceituada por Freire-Maia (1974), “corresponde a uma população ideal de tamanho invariável, com igual proporção de machos e fêmeas, destituída de endocruzamento com taxa apreciável, em que cada indivíduo tem a mesma probabilidade de deixar progênie de tamanho igual, de tal forma que o número de descendentes por genitor acompanha a curva de distribuição de Poisson”.

Geralmente, tamanho efetivo populacional refere-se ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe. Conforme a conceituação de S. Wright, introduzida em 1931, na situação de um tamanho efetivo populacional pequeno, um reduzido número de indivíduos participa efetivamente do intercruzamento, com vistas à regeneração da nova população, conduzindo a uma ocorrência da mudança aleatória das frequências alélicas (oscilação ou deriva genética) e o aumento da endogamia na nova população.

Resende (2002a), fornece os conceitos matemáticos e outros aplicados do tamanho efetivo, com destaque para a importância da endogamia e seus efeitos na média (depressão endogâmica por perdas de heterozigose) e variâncias da população, devida ao pequeno tamanho efetivo. Adicionalmente, fornece expressões de tamanho efetivo populacional úteis ao melhoramento e conservação de espécies perenes. Com base no conceito de tamanho efetivo de variância ( $N_e$ ) em populações com sistema reprodutivo misto, apresenta derivações de expressões adequadas ao cálculo de  $N_e$ , em situações de representação não balanceada de progênies, em termos de número de indivíduos em cada uma delas, comum no melhoramento e na conservação genética de plantas perenes.

A questão dos limites seletivos e suas conseqüências para o melhoramento, no longo prazo, são consideradas na proposta de estrutura hierárquica de três níveis (RESENDE 1999b). A referida estrutura considera, como já visto anteriormente, os tamanhos efetivos populacionais  $N_{e1} = 10$ ;  $N_{e2} = 50$  e  $N_{e3} = 100$ , respectivamente, para as populações do núcleo, principal (melhoramento) e de conservação (baseada na seleção dentro de progênies, de apenas um indivíduo em cada). Para evitar a depressão endogâmica no curto prazo, Frankham (1995), por sua vez, também recomenda um tamanho efetivo populacional igual a cinquenta.

Já Rawlings (1970) preconiza um tamanho efetivo populacional em torno de trinta, como valor adequado à maioria dos sistemas genéticos, enquanto Pereira e Vencovsky (1988) recomendam valores entre trinta e sessenta. Entretanto, para capturar alelos com frequência  $\geq 5\%$ , uma amostragem de vinte famílias de polinização aberta, não aparentadas, com cem indivíduos por família, é suficiente para representar uma população, de acordo com Resende e Vencovsky (1990).

Nos programas de melhoramento de longo prazo, o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) deve sempre ser mantido dentro de limites aceitáveis, para evitar os riscos de perdas de alelos favoráveis (RESENDE, 1999a). Assim, para a composição da população selecionada, procedimentos ótimos devem ser adotados que considerem os valores genéticos dos indivíduos candidatos à seleção, o progresso genético, o tamanho efetivo populacional e a endogamia potencial (RESENDE *et al.*, 1995a).

## 2.4 ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

### 2.4.1 Importância

O estabelecimento de estratégias eficientes de melhoramento depende essencialmente do conhecimento prévio dos mecanismos genéticos responsáveis pela herança do caráter a melhorar, tais como o número de genes que o governam, as ações e efeitos gênicos, herdabilidade, repetibilidade e associações genéticas com outros caracteres (RESENDE, 2002a).

Os parâmetros genéticos são valores numéricos que permitem inferir sobre a estrutura genética, os quais variam para diferentes caracteres, idades e populações (DUDA, 2003). As estimativas dos parâmetros genéticos possibilitam prever os ganhos oriundos das estratégias alternativas aplicadas ao melhoramento genético, fornecendo informações importantes à seleção e para a definição do programa de melhoramento da população.

O tipo de ação dos genes, em caráter quantitativo, também pode ser deduzido destes parâmetros, assim como as estimativas do progresso genético esperado na seleção (ROBINSON e COCKERHAM, 1965; VENCovsky, 1969). Dessa forma, as estimativas de parâmetros genéticos são necessárias para uma seleção eficiente de árvores, possibilitando o conhecimento da estrutura genética da população (MORAES, 1987).

Os parâmetros genéticos populacionais de maior importância para o melhoramento florestal são: a variância genotípica e seus componentes aditivo e

não-aditivo; os componentes de herdabilidade para estimar os ganhos genéticos, no sentido amplo e restrito, indicando o grau de dificuldade ou facilidade para melhorar determinados caracteres; as interações genótipo x ambiente e as correlações genotípicas e fenotípicas entre as características (COCKERHAM, 1963, KAGEYAMA, 1980; KIKUTI, 1988). Caracteres com baixa herdabilidade demandarão métodos de seleção mais elaborados do que aqueles com alta herdabilidade. Por sua vez, altos valores de correlação genética entre parâmetros significam que a alteração em um caráter, via seleção, promove alterações significativas em outros caracteres relacionados a ele.

Outro parâmetro de extrema importância para as plantas perenes é o coeficiente de repetibilidade, o qual mede a capacidade de os organismos repetirem a expressão do caráter, ao longo de vários períodos de tempo, no decorrer de suas vidas. Eles permitem a determinação do número de medições necessárias para avaliar precisamente os valores genéticos aditivos, genotípicos ou fenotípicos permanentes dos indivíduos e possibilitam o uso de suas estimativas na predição de valores genéticos (RESENDE, 2002a).

A determinação de parâmetros genéticos, para espécies florestais, torna-se mais importante, à medida que o ciclo da cultura aumenta. Vale ressaltar que os parâmetros genéticos somente são validados para a população, na idade observada e nas condições ambientais em que foram desenvolvidos os testes genéticos. Isto se deve porque os genes agem de forma diferente, respondendo aos efeitos da idade e do local (KIKUTI, 1988). Entretanto, o conhecimento dos padrões de variabilidade do material permite o desenvolvimento de programas de melhoramento com possibilidades de ganhos genéticos contínuos (VENCovsky e BARRIGA, 1992).

Segundo Vencovsky (1978) e Falconer (1987), a existência de variância genética aditiva, em magnitude satisfatória, possibilita um melhoramento efetivo, pela seleção em uma população. Entretanto, as informações sobre os componentes da variação genética, em espécies florestais, não são suficientes para garantir a predominância de variância aditiva, porém, em populações pouco manipuladas, é esperado que possuam grande variabilidade, tanto para os componentes aditivos quanto para os não-aditivos. Ramalho (1993) enfatiza que, embora ocorra variância de dominância, a predominância é para a variância aditiva.

Para que os parâmetros genéticos sejam representativos da população em estudo, Comstock e Robinson (1948), Stonecypher *et al.* (1973) estabeleceram alguns pré-requisitos, tais como: (i) os parâmetros devem provir de indivíduos tomados ao acaso, na obtenção de progênes experimentais; (ii) os genótipos devem ser distribuídos ao acaso, nos diferentes ambientes; (iii) ausência de efeitos maternos; (iv) herança regular diplóide; (v) equilíbrio de ligação nas progênes amostradas; e (vi) ausência de epistasia.

#### 2.4.2 Variâncias genotípica e fenotípica e heterogeneidade das variâncias

A variância fenotípica pode ser composta de variações produzidas pelo ambiente, pelas variações dos efeitos genotípicos e devido à interação genótipo x ambiente. A variância genotípica pode ser dividida em variância genética aditiva, variância de dominância e variância epistática (VENCOVSKY, 1969).

A variância genética aditiva é a fração mais importante a ser determinada, pois ela é a principal causa da semelhança entre parentes e determinante funcional das propriedades genéticas da população, conseqüentemente, da sua resposta à seleção (FALCONER, 1987). A variação genética e principalmente sua parte aditiva mostra, para uma determinada característica, o potencial da população para fins de seleção e melhoramento (NAMKOONG, 1979). O efeito aditivo dos genes controla a maioria dos caracteres das árvores. O seu conhecimento possibilita a seleção por caracteres de importância econômica, que tem garantido grandes avanços no aumento da produtividade (SHIMIZU *et al.*, 1982).

Para uma estimativa ampla e sem restrições dos componentes de variância, é essencial que tanto os indivíduos que constituem o material experimental como os da população-base não sejam endocruzados (VENCOVSKY, 1969). Se a endogamia ocorrer, o teste de progênie de polinização livre proporcionará uma superestimativa da variância genética. A variância genética também pode ser superestimada, quando o experimento é instalado em um só local e ano (FONSECA, 1979). Para minimizar os erros das estimativas de variância genética, é preciso estimar a



variância devida às interações dos efeitos aditivos com os ambientes, realizando experimentos em vários ambientes e avaliações em diferentes períodos.

Uma consequência direta da heterogeneidade das variâncias, em diferentes níveis de produção, é o risco de se selecionar maior proporção de indivíduos de maior variabilidade fenotípica e não de maior valor genético, podendo, com isso, ocorrer até uma redução no progresso genético esperado (RAMOS *et al.*, 1996). Esta heterogeneidade nos componentes de variância reflete diretamente nas estimativas de coeficientes de herdabilidade, conforme ressaltam Marion *et al.* (2001). Se a heterogeneidade de variância for ignorada, corre-se o risco de ordenação incorreta dos indivíduos, por meio de seus valores genéticos e, conseqüentemente, o progresso genético pode ser afetado (TEIXEIRA *et al.*, 2002).

Vários métodos de correção para a heterogeneidade da variância já foram sugeridos pela pesquisa com espécies animais, dentre eles, o método de transformação de escala dos dados, por meio do desvio padrão residual ou fenotípico (HILL, 1984; WEIGEL e GIANOLA, 1992); enfoque de características múltiplas (HENDERSON, 1984; GIANOLA, 1986) e pré-ajustamento para a variância fenotípica dentro de rebanhos (WIGGANS e RADEN, 1991; WERF *et al.*, 1994).

Resende (2004) tem ressaltado a superioridade da transformação ou correção prévia dos dados que consideram tanto a heterogeneidade de variância genética quanto a ambiental, como é o caso da razão  $h_i/h_{im}$ , que se refere à raiz quadrada da herdabilidade no ambiente  $i$  e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, respectivamente, quando comparada com outras transformações usuais relatadas na literatura, as quais são baseadas apenas no desvio padrão fenotípico.

A precisão das avaliações genéticas depende da precisão das estimativas dos componentes de variância e da adequacidade das pressuposições dos modelos à natureza das informações disponíveis. A presença de heterogeneidade de variância genotípica pode comprometer a exatidão daquelas estimativas, reduzindo o potencial de progresso genético dos programas de seleção (COSTA, 1998). De acordo com Annicchiarico (2002), uma grande heterogeneidade de variância genotípica entre ambientes pode constituir-se num sério problema para a avaliação da estabilidade de rendimento das culturas, nos programas de melhoramento

genético, pelo fato dela superestimar os componentes de variância da interação genótipo x ambiente, pelos efeitos não relacionados à mudança na resposta relativa dos genótipos entre ambientes.

A correção ou transformação de dados, em relação à heterogeneidade de variância genotípica entre ambientes, particularmente entre locais, somente interessa às análises objetivando a definição de estratégias de adaptação e estabilidade de rendimento (ANNICCHIARICO, 2002). Com especial referência à análise padrão da interação genótipo x ambiente, considerando um conjunto de dados de rendimentos de uma cultura, Fox e Rosielle (1982) propuseram a padronização ou correção de valores fenotípicos dentro de ambientes, particularmente para contrabalançar a tendência de ambientes de alto rendimento, supostamente caracterizado pela maior variância dos valores genotípicos, terem maior peso na avaliação da semelhança ambiental, para os efeitos dessa interação. Yau (1991), por sua vez, demonstrou que uma correlação positiva do desvio padrão fenotípico dentro de locais dos rendimentos dos genótipos com o rendimento médio entre ambientes, era comum ocorrer em um conjunto de dados caracterizados por uma grande variação nos rendimentos médios dos genótipos.

#### 2.4.3 Herdabilidade

As estimativas de herdabilidade também são de grande importância à predição de ganhos genéticos. Como outros demais parâmetros, tal como o coeficiente de variação genética, que é um indicador da magnitude de variação genética entre as progênes, a herdabilidade subsidia a escolha da melhor estratégia de melhoramento a ser adotada (ZOBEL e TALBERT, 1984; FALCONER, 1987), mostra claramente o potencial de progresso genético esperado no programa de melhoramento (KAGEYAMA e VENCOSKY, 1979; KAGEYAMA, 1980) e é essencial à predição de valores genéticos (RESENDE, 2002a). A estimação e uso da herdabilidade, portanto, torna-se imprescindível aos programas de melhoramento.

A herdabilidade é uma medida de proporcionalidade da variação total devida à natureza genética. Pode ser estimada pela razão entre a variância genética e a

variância total (ALLARD, 1971; FALCONER, 1987), e observada no sentido amplo, expressada pela proporção de variância genética total em relação à variância fenotípica, ou no sentido restrito, determinada pelo quociente entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica (DUDLEY e MOLL, 1969, FALCONER, 1987), ou seja, o coeficiente de herdabilidade expressa a quantidade de variação genética em relação à variação fenotípica total (VENCOVSKY, 1987).

Dudley e Moll (1969) recomendam que a herdabilidade deve ser estimada com base na variância genética aditiva, se o material é propagado sexualmente, pois os efeitos gênicos são transmitidos aos descendentes por seleção e cruzamento. Entretanto, se o material é propagado assexuadamente, a herdabilidade deve ser calculada com base na variância genética total e denominada de coeficiente de determinação genotípica (TODA, 1972)

Diferentes valores de herdabilidade podem ser encontrados para determinados caracteres de uma mesma espécie. Isto se deve, principalmente, aos diferentes métodos utilizados para a sua determinação, aos diferentes materiais genéticos, aos diferentes locais, à idade de avaliação (XAVIER, 1996).

Valores altos para as estimativas de herdabilidade indicam boas possibilidades de ganho nos estudos de melhoramento, pois o progresso esperado pela seleção depende diretamente da herdabilidade e da intensidade da seleção, e inversamente ao desvio padrão fenotípico (DUDLEY e MOLL, 1969). Assim, valores elevados de herdabilidade revelam que o controle genético pode ser alto e que mudanças no ambiente influenciam pouco o fenótipo (SHEPHERD, 1977).

#### 2.4.4 Correlações genética e fenotípica

O conceito de correlação genética para o mesmo caráter avaliado em diferentes ambientes foi inicialmente empregado por Falconer (1952) e a teoria posteriormente desenvolvida por outros autores (ROBERTSON, 1959; YAMADA, 1962; DICKERSON, 1962). Nos estudos dessas correlações, busca-se aprimorar o material genético, com base no conhecimento detalhado da associação entre esses caracteres (VENCOVSKY, 1987). Esse recurso da estatística multivariada é

comumente empregado quando se deseja selecionar um determinado caráter de difícil medição ou identificação, ou quando este apresenta baixa herdabilidade, porém sabe-se que se correlaciona fortemente com outros caracteres de fácil observação e com herdabilidade alta (FALCONER, 1987).

Na avaliação de indivíduos em mais de um local, é possível determinar o efeito da interação genótipos x ambientes, que decorre do comportamento diferencial desses genótipos. A variação fenotípica, neste caso, será dada pela soma dos componentes de variação genética livre da interação, da variação da interação genótipos x ambientes e da variação ambiental (FALCONER, 1987; VENCOSKY e BARRIGA, 1992). A ocorrência de interação significativa indica que os melhores genótipos em um dado ambiente não o serão nos outros. O efeito assume, assim, importância, com vistas a evitar substancial redução na resposta à seleção dos indivíduos (GARRICK e VLECK, 1987).

O componente de variância da interação genótipos x ambientes foi desdobrado em duas partes por Robertson (1959), sendo a parte simples explicada pela heterogeneidade das variâncias genéticas observadas para os grupos de indivíduos nos ambientes e a parte complexa advinda da falta de correlação genética entre o desempenho do material de um local para outro, representando a parte problemática da interação (RESENDE, 1999b).

A correlação genética para um mesmo caráter avaliado em diferentes ambientes, diferente da correlação genética entre caracteres em um mesmo indivíduo, foi definida por Burdon (1977) como correlação genética tipo B, que tem inúmeras aplicações nos programas de melhoramento florestal. Em alguns casos, esse parâmetro também tem sido empregado como uma medida quantitativa da interação genótipo x ambiente (BURDON, 1977; JOHNSON e BURDON, 1990; DIETERS *et al.*, 1995; PSWARAYI *et al.*, 1997) permitindo considerações sobre estratégias de melhoramento e empregos de materiais melhorados (ZOBEL e TALBERT, 1984; WHITE *et al.*, 1993; HODGE e DVORAK, 1999). Estimativas dessa correlação têm servido também para prever respostas genéticas pela seleção indireta (WHITE e HODGE, 1989; JOHNSON, 1997).

Para a análise de dados balanceados em espécies florestais, os modelos de Yamada (1962) e de Burdon (1977) têm sido rotineiramente usados. Entretanto,

Fernando *et al.* (1984) demonstraram que, para dados não balanceados, as estimativas de correlação genética tipo B, obtidas pelo método de Yamada, são tendenciosas sob modelos lineares (ou seja, com suposição de covariância zero entre efeitos aleatórios), a menos que as variâncias genéticas e ambientais sejam idênticas entre os ambientes considerados.

As correlações são medidas padrão da covariância entre dois caracteres e podem ser estimadas fenotípica ou geneticamente. Define-se correlação genética entre caracteres como sendo a medida da magnitude da associação genética entre caracteres de um indivíduo. A correlação fenotípica entre caracteres é definida como a medida da magnitude da associação fenotípica entre caracteres de um indivíduo, sendo causada pela combinação entre as covariâncias genéticas e ambientais. A covariância genética é devida aos efeitos pleiotrópicos, em que alguns genes apresentam um efeito sobre um ou mais caracteres (FALCONER e MACKAY, 1996).

A correlação fenotípica permanente é a medida de magnitude da associação fenotípica entre caracteres em um indivíduo, a qual permanece constante de uma medição à outra. O parâmetro correlação genética entre caracteres denota importância aos programas de melhoramento genético, pois significa que, apresentando valores altos, a alteração em um caráter, via seleção, promove alterações significativas em outros caracteres correlacionados a ele (RESENDE, 2002a).

O coeficiente de correlação genética mede o grau de associação genética entre dois caracteres quantitativos em uma determinada população (WILLIAMS e MATHESON, 1995).

As correlações genéticas ou fenotípicas entre diferentes idades podem ser obtidas das estimativas de covariâncias genéticas ou fenotípicas extraídas das esperanças dos produtos médios das análises de covariâncias (VENCOVSKY, 1978).

Resende (2002a), conceituando a genética quantitativa e parâmetros genéticos populacionais, fornece modelos genético e fenotípico, componentes da variação fenotípica, covariância genética entre parentes, correlação genética entre parentes e correlação fenotípica intraclasse para população de meios-irmãos.

Também fornece os respectivos coeficientes de regressão, correlação e de determinação envolvendo os valores genéticos e fenotípicos.

## 2.5 PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS

Os valores genéticos são variáveis aleatórias não observáveis, preditas a partir dos valores fenotípicos observáveis, comumente usados nos programas de melhoramento de plantas. A sua predição, que pode ser feita de forma pontual ou intervalar, deve ser precisa e acurada, pois aumentam os ganhos pretendidos, diminuindo as possibilidades de erro na seleção. A predição pontual fornece os valores genéticos preditos, ao passo que a intervalar inclui os intervalos de confiança dos valores e dos ganhos genéticos, propiciando uma recomendação mais segura dos indivíduos envolvidos e, portanto, deve ser preferencial (RESENDE, 2002a).

Para a avaliação genética, são necessárias estimativas fidedignas dos parâmetros genéticos das populações-base (originais) não selecionadas e não endogâmicas, sob delineamento ótimo ou adequado, visando a minimização da variância das estimativas.

Uma vez que os genitores (diplóides) passam para a sua progênie, uma amostra correspondente à metade de seus alelos, o valor genético esperado de uma progênie equivale à média dos valores genéticos preditos de seus genitores masculino e feminino. Pelo mesmo princípio, a média da população melhorada (geração descendente) equivalerá à média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados, supondo-se a seleção de um mesmo número de machos e fêmeas e uma contribuição equitativa de gametas para a geração descendente (RESENDE, 2002a).

Os valores genéticos preditos, entretanto, não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Conforme Vleck *et al.* (1987), a proximidade entre esses dois pode ser avaliada com base na estatística denominada acuidade (acurácia), a qual refere-se à correlação entre os valores genéticos preditos e verdadeiros dos indivíduos. A acuidade seletiva depende da herdabilidade e repetibilidade do caráter, da quantidade e qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na

predição dos valores genéticos. Como é uma medida associada à precisão na seleção, a acuidade é o principal elemento do progresso genético que pode ser alterado pelo homem, visando maximizar o ganho genético (RESENDE, 2002a). A acuidade, também importante na comparação de métodos de seleção, pode ser utilizada como um indicativo da intensidade de utilização dos indivíduos, sendo que aqueles com altos valores genéticos preditos, mas com acuidade baixa, devem ser usados com ressalvas.

A predição de valores genéticos exige a prévia estimação dos componentes de variância e de parâmetros genéticos. De maneira genérica, a predição pode ser efetuada por três procedimentos e situações distintas: (i) Melhor Predição - BP (*“Best Prediction”*) - iguais quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, onde as médias e variâncias são conhecidas ou estimadas com exatidão; (ii) Melhor Predição Linear - BLP (*“Best Linear Prediction”*) - diferentes quantidades e precisões de informações associadas a todos os candidatos à seleção, com médias e variâncias conhecidas ou estimadas com precisão; e (iii) Melhor Predição Linear Não-Viciada - BLUP (*“Best Linear Unbiased Prediction”*) - diferentes quantidades e precisões das informações associadas aos candidatos à seleção, sendo a variância conhecida ou estimada com precisão e a média não conhecida. Desta forma, o método BP utiliza os mesmos pesos (ponderadores das informações fenotípicas) para todos os indivíduos candidatos à seleção, ao passo que os métodos BLP e BLUP implicam na utilização de diferentes pesos para os candidatos à seleção. Dentre esses procedimentos, o BLUP é o mais completo e conduz à maximização do ganho genético, por ciclo de seleção (RESENDE, 1997a e 1997b).

O método BP é bom apenas na situação (i). O BLP é adequado nas situações (i) e (ii) e a situação (iii) exige preditores BLUP mais complexos, que são ótimos em qualquer situação. A vantagem do procedimento BLUP sobre o BLP, na situação (iii), é a estimação mais precisa dos efeitos fixos do modelo linear misto, a qual é realizada pelo método dos mínimos quadrados generalizados e não pelo método dos mínimos quadrados ordinários, como ocorre no procedimento BLP (RESENDE *et al.*, 1996b).

A experimentação com progênies de diferentes populações (testes de

progênie/procedência) é prática comum no melhoramento de espécies florestais e outras espécies perenes. A forma clássica de analisar dados de testes de progênie, representados por modelos estatísticos, é por meio da Análise da Variância (ANAVA) proposta por Fisher em 1925 (RESENDE, 2002a). Nessas análises de dados, os modelos que representam a variação nos caracteres, próprios para a estimação, podem indicar efeitos de natureza fixa (modelo I) ou aleatória (modelo II). No caso de predição de efeitos aleatórios, como os valores genéticos aditivos dos indivíduos representando a progênie de meios-irmãos, a análise de dados pode ser feita por programas de seleção genética, como aquela proposta por Resende *et al.* (1994b), que se baseia no método de índice de multi-efeitos, onde os componentes ou efeitos do modelo que explicam a variação são efeitos aleatórios, exceto para a média geral e o efeito de blocos.

Para Searle *et al.* (1992), embora muito úteis e eficientes no melhoramento de espécies anuais e perenes, em experimentos com dados balanceados, os modelos matemáticos tradicionais ajustados à ANAVA não são adequados à seleção genética, para dados não balanceados sob qualquer delineamento com blocos, pois fornecem estimativas não exatas e tendenciosas das diferenças entre os tratamentos genéticos.

Por definição, modelos mistos, cujo método foi desenvolvido por Henderson (1973), contêm efeitos de natureza fixa e aleatória com dupla utilidade, ou seja, servem para estimar médias de blocos pelo Método dos Mínimos Quadrados Generalizados (GLS) e para prever valores genéticos aditivos de indivíduos, nos testes de progênie de meios-irmãos. A importância das estimativas de parâmetros genéticos pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita - REML ("*Restricted Maximum Likelihood*"), nos modelos mistos, é que essa metodologia gera estimativas não tendenciosas dos parâmetros (SCHAEFFER, 1999). Outra grande vantagem desses modelos é que eles consideram a covariância genética entre as observações e ponderam os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou em diferentes gerações (RESENDE, 2002a). Isso faz da avaliação genética (predição de valores genéticos) pelos modelos mistos, um instrumento mais eficaz que o da avaliação partindo de estimativas pelo método dos mínimos quadrados, segundo Kennedy e Sorensen (1988), na seleção de genitores, famílias



e árvores, pelo uso da informação da própria entidade ou de aparentados, avaliadas no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE, 1999b). No modelo misto, os blocos, ambientes e tempo (anos avaliados) são efeitos fixos, constantes, mas interferem na predição dos efeitos genéticos ou aleatórios, segundo Searle *et al.* (1992), tendo a necessidade de ajuste dos efeitos fixos no modelo.

A seleção de indivíduos ou progênes de uma população pode ser fenotípica, quando o valor fenotípico do caráter é o referencial, ou genotípica quando baseada nos valores genéticos desses indivíduos. Valores genéticos aditivos, como aqueles estimados nos testes de progênes de meios-irmãos, são efeitos aleatórios. Estes podem ser obtidos pelo procedimento BLUP, que estima os efeitos fixos (médias de blocos) pelo método dos mínimos quadrados generalizados, considerando as variâncias, sendo esta a razão da maior acuidade (entendida como o quanto se confia que a estimativa seja próxima do valor verdadeiro). Ao mesmo tempo, o procedimento prediz os valores dos efeitos genéticos aleatórios e dos efeitos aleatórios não-correlacionados incluídos no modelo (RESENDE, 2002a).

Indiferente ao modelo de predição BLP ou BLUP, os valores genéticos aditivos, no caso de variáveis aleatórias de progênes de meios-irmãos, dependem de estimativas exatas dos componentes de variância que podem ser obtidas por meio do método dos mínimos quadrados ordinários e por meio do método da máxima verossimilhança restrita (SEARLE *et al.*, 1992). Para isso, podem ser utilizados métodos computacionalmente de menor demanda, como aquele desenvolvido por Henderson, baseados no método dos mínimos quadrados. No entanto, esse difere da tradicional análise de variância, pela sua possibilidade de trabalhar com baixos níveis de dados não balanceados. Porém, nesse caso, os estimadores perdem algumas das propriedades desejáveis e são obtidos valores negativos de estimativas de componentes de variância, o que contraria a definição clássica de que variâncias são sempre positivas (SEARLE *et al.*, 1992). Diante disso, o uso de modelos mistos associados aos métodos iterativos, como os de máxima verossimilhança, é mais indicado (RESENDE, 1999b), os quais superam o aspecto negativo dos dados não balanceados.

Os métodos de máxima verossimilhança que interagem nas equações do modelo misto são o de Máxima Verossimilhança (ML) e o de Máxima

Verossimilhança Restrita (REML), distintos pelos seguintes prismas: (i) cronológico, do ML de Fisher para o REML de Patterson e Thompson (1971); (ii) do tendencioso (ML) para o não-tendencioso dos estimadores (REML); e (iii) da simplicidade (ML) para maiores demandas computacionais (REML). O método REML possui propriedades estatísticas superiores quando comparadas àquelas do método dos mínimos quadrados, para a estimação dos parâmetros genéticos com dados não balanceados (SEARLE *et al.*, 1992). Devido às vantagens desse método, seu emprego no melhoramento florestal tem crescido expressivamente no exterior, como pode ser observado nos trabalhos de Dieters *et al.* (1995) e Dieters (1996); e, no Brasil, por Resende *et al.* (1996b), Bueno Filho (1997), Resende (1999b), Paludzyszyn Filho (2000), Resende (2001), Mora (2002) e Duda (2003), dentre outros.

O Método de Máxima Verossimilhança Restrita é operacionalizado por algoritmos computacionais, sendo os mais utilizados o Livre de Derivação (DF) de Graeser *et al.*, (1987) e o da Informação Média (AI) de Johnson e Thompson (1995). Os dados são processados em pacotes ou conjuntos de programas, alguns já disponibilizados no mercado, como o MTDFREML desenvolvido por Boldman *et al.* (1993) e o DFREML por Meyer (1998), que empregam o algoritmo DF.

O Método (PATTERSON e THOMPSON, 1971) da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) é, atualmente, o método padrão para a estimação dos componentes de variância, a partir de dados não balanceados em espécies perenes. Resende (2002a) fornece os estimadores para os componentes de variância associados aos modelos estatísticos para os delineamentos experimentais de blocos ao acaso, látice, linha e coluna, associadas aos vários delineamentos de cruzamentos (meios-irmãos, dialélicos e outros).

Resende (2002b) reestruturou recentemente o programa computacional SELEGEN - Seleção Genética, elaborado pelo próprio autor e cooperadores (RESENDE *et al.*, 1994b), adequando-o para a análise de qualquer tipo de dado, pelo procedimento ótimo de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não-Viciada (BLUP), com aperfeiçoamentos contemplando cinquenta diferentes estruturas experimentais, inclusive testes de progênes e procedências em vários locais, com estudo de interação genótipo x ambiente.

Com o surgimento dos modelos mistos ou BLUP individual, houve grande mudança na forma de estimação dos componentes de variância. Anteriormente, as covariâncias entre parentes eram estimadas e interpretadas em termos de suas esperanças matemáticas (igualando-as aos seus valores esperados), gerando os componentes de variância. Atualmente, os componentes de variância podem ser estimados diretamente com as variâncias dos efeitos aleatórios do modelo linear misto (RESENDE, 2002a).

O SELEGEN-REML/BLUP atende às exigências de experimento balanceado e não balanceado. Se adotados modelos em nível individual, o programa computacional fornece: (i) valores genéticos aditivos preditos; (ii) valores genotípicos preditos; (iii) estimativas de componentes de variância; (iv) ordenamento dos candidatos à seleção, segundo valores genéticos aditivos ou genotípicos; (v) estimativas de ganhos genéticos; (vi) estimativas do tamanho efetivo populacional; (vii) estimativas da interação genótipo x ambiente; e (viii) estimativas do valor genético de cruzamentos. Abrange os delineamentos experimentais de blocos ao acaso e látice, os delineamentos de cruzamento para polinização aberta e controlada (progênies de meios irmãos e irmãos germanos, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos, delineamentos não balanceados, híbridos), bem como testes clonais, uma ou várias populações, experimentos repetidos em vários locais, uma ou várias plantas por parcela, presença ou ausência de medidas repetidas (RESENDE, 2002b). O programa emprega modelos, estimadores e preditores apresentados por Resende *et al.* (1994c) e Resende (1999b; 2000; 2002a), podendo ser aplicado às plantas alógamas, autógamas e com sistema reprodutivo misto. É direcionado às espécies perenes e semiperenes, podendo também ser aplicado às espécies anuais. Tem sido utilizado com sucesso, em algumas espécies florestais, tais como acácia-negra (MORA, 2002), pinus (DUDA, 2003), erva-mate (RESENDE *et al.*, 2000), seringueira (RESENDE *et al.*, 1996a; COSTA *et al.*, 2000) e espécies frutíferas como a pupunheira (FARIAS NETO e RESENDE, 2001), cacau (RESENDE e DIAS, 2000), aceroleira (PAIVA *et al.*, 2002), umbuzeiro (OLIVEIRA *et al.*, 2004), cupuaçu (SOUZA *et al.*, 2002) e mais cafeeiro (RESENDE *et al.*, 2001) e dendê (PURBA *et al.*, 2001).

Face às inúmeras vantagens do método REML, a estimação de parâmetros genéticos deve se basear no procedimento REML/BLUP sob modelo individual, para as espécies perenes, onde os dados são obtidos em nível de indivíduos, e para o caso de se ter informações sobre a genealogia da espécie (RESENDE, 2002a).

## 2.6 INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE

A seleção de genótipos superiores é feita com base em observações do fenótipo e, portanto, extremamente dependente da composição do valor fenotípico relativo ao caráter sob seleção (MAURO, 1991; CARNEIRO, 1998). O fenótipo é resultante dos efeitos genéticos e daqueles devidos aos ambientes, aos quais o genótipo foi exposto durante o seu desenvolvimento.

A resposta diferenciada dos genótipos aos vários ambientes, conhecida como interação genótipo x ambiente - GA (EBERHART e RUSSEL, 1966), é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies. Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a interação GA é de natureza genética, mas não no sentido usual, e sim da decorrência de instabilidades das manifestações genotípicas entre ambientes. O comportamento dos genótipos em relação ao ambiente tem merecido especial atenção, devido a sua interferência nos processos de seleção. Por esta razão, torna-se importante o conhecimento dessas interações, principalmente a sua aplicação nos estudos de estabilidade fenotípica das espécies.

A interação GA é de extrema importância nos programas de melhoramento, pois torna possível a seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, a escolha de locais de seleção e a determinação do número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados (zonas de melhoramento) durante a seleção (FOX *et al.*, 1997).

O processo tradicional de investigar as interações GA é pela análise conjunta de variância, em grupos de experimentos. Em termos do melhoramento, a ocorrência de significativa interação GA não é desejável, existindo várias opções para atenuar os efeitos dessa interação, tais como: (i) identificar genótipos específicos para cada ambiente; (ii) promover subdivisões de uma área heterogênea

em sub-regiões mais uniformes, de modo que os genótipos não interajam significativamente com os ambientes; e (iii) identificar genótipos com maior estabilidade fenotípica (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

A opção mais utilizada é a descrita em (ii), seguida pela opção (i) dentro da (ii). A opção (iii) requer estudos sobre a performance genotípica, com base nos parâmetros adaptabilidade e estabilidade, pelos quais tornam-se possível a identificação de cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (RAMALHO *et al.*, 1993; CRUZ e REGAZZI, 1994). A primeira opção, embora possível, é limitada pela infinidade de ambientes nos locais com clima tropical, o que onera e dificulta as etapas de produção de sementes e manutenção dos inúmeros genótipos necessários. Além disso, conforme ressaltado por Ramalho *et al.* (1993), o ambiente pode ser muito restrito e quaisquer variações imprevistas nestas condições podem fazer com que o material genético indicado já não mais o seja. Entretanto, segundo Gauch e Zobel (1996), genótipos com adaptações específicas podem diferenciar uma variedade como boa ou excelente, possibilitando rendimentos diferenciados nas etapas finais de um programa de seleção.

Genótipos que interagem positivamente com ambientes podem fazer a diferença entre um bom e um ótimo cultivar, além de a obtenção de genótipos ideais ser importante tanto para uma melhor caracterização das variedades aos produtores, como para a escolha de testemunhas para experimentos comparativos e de genitores para cruzamentos, em programas de melhoramento (GAUCH e ZOBEL, 1996; DUARTE e VENCOVSKY, 1999). Esse enfoque passa a ter maior importância para espécies cujo valor de investimento é muito alto com prazo demorado, como é o caso do melhoramento florestal.

Entretanto, apesar de serem de grande importância para o melhoramento, uma simples análise da interação GA não proporciona informações completas e exatas sobre o comportamento de cada genótipo frente às variações ambientais. Para tal objetivo, devem ser realizadas análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais torna-se possível a identificação de cultivares com comportamento previsível e que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (CRUZ e REGAZZI, 1994).

## 2.7 ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DOS VALORES GENOTÍPICOS PREDITOS

A adaptação do material genético traduz-se na capacidade do indivíduo sobreviver, crescer e reproduzir nas condições ambientais do local de introdução, sendo um ponto básico a ser considerado na seleção de árvores superiores (HIGA *et al.*, 1991). A eficiência de adaptação das espécies quando introduzidas em locais que não os da área de ocorrência natural depende de influências bióticas e de interações climáticas (LÓPEZ e FORNÉS, 1997). A produtividade depende da qualidade do material genético e pode ser maximizada quando este se adapta bem às condições ecológicas locais (MORI *et al.*, 1986).

Moraes (1987) fornece as seguintes definições para estabilidade e adaptabilidade: (i) a estabilidade fenotípica é definida pela capacidade de os genótipos apresentarem menor sensibilidade às variações de ambientes; ou (ii) a estabilidade de comportamento é definida pela capacidade de os genótipos apresentarem um comportamento altamente previsível, em função do estímulo ambiental; e (iii) a adaptabilidade é a capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente os estímulos ambientais. Em resumo, a estabilidade é medida pela constância do desempenho do genótipo, frente às variações da qualidade ambiental.

Conforme Eberhart e Russel (1966), o ideal é que uma cultivar apresente adaptabilidade geral e previsibilidade alta, capazes de responder ao estímulo do ambiente e de ser estável, mantendo bom desempenho quando as condições ambientais forem desfavoráveis.

As pesquisas relacionadas com a estabilidade de materiais genéticos são vistas como uma alternativa de investigar o fenômeno da interação genótipo x ambiente. Tais estudos requerem a análise conjunta da variância de grupos de experimentos. Desta forma, a magnitude das interações é avaliada pela variância dos efeitos de genótipos x sítios ou genótipos x anos, dependendo do propósito do melhoramento (LÓPEZ e FORNÉS, 1993).

Nos programas de melhoramento de eucalipto, onde é comumente recomendado o emprego de ciclos sucessivos de seleção (HIGA *et al.*, 1991), o conhecimento dos genes que controlam os caracteres de maior importância

econômica, conforme ressalta Ramalho (1993), é de suma importância. Os estudos de adaptabilidade e estabilidade genética passam a ser indispensáveis, pois permitem verificar o comportamento do material genético frente às variações ambientais, além de melhorar o desempenho dos programas de melhoramento, pela eliminação de genótipos instáveis.

A avaliação de variedades ou de famílias, com vistas à identificação e recomendação de materiais genéticos superiores, é uma das principais etapas dos programas de melhoramento. Como os testes são conduzidos em diferentes condições climáticas, edáficas e de manejo das culturas, as famílias devem apresentar a maior produtividade, adaptabilidade e estabilidade possível, diante da diversidade ambiental. Com esse propósito, deve-se comparar algumas metodologias disponíveis de avaliação desses três critérios, escolhendo-se a mais apropriada, para tornar a recomendação a mais adequada possível.

Mais de uma dezena de métodos têm sido propostos para estudar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, dentre eles destacam-se: (i) os procedimentos baseados na variância da interação genótipos x ambientes (PLAISTED e PETERSON, 1959; WRICKE, 1962; TAI, 1971; SHUKLA, 1972; WRICKE e WEBER, 1986; MAGARI e KANG, 1997); (ii) regressão linear simples (YATES e COCHRAN, 1938; FINLAY e WILKINSON, 1963; EBERHART e RUSSELL, 1966; PERKINS e JINKS, 1968); (iii) regressão múltipla (VERMA *et al.*, 1978; SILVA e BARRETO, 1986; CRUZ *et al.*, 1989; STORCK e VENCOVSKY, 1994); (iv) regressão quadrática (BRASIL e CHAVES, 1994); (v) modelos não lineares (CHAVES *et al.*, 1989; TOLER e BURROWS, 1998; SILVA, 1998; ROSSE e VENCOVSKY, 2000) e não paramétricos, como a ordem de classificação genotípica (HUEHN, 1996); (vi) métodos multivariados, como a ACP-Análise de Componentes Principais (CROSSA, 1990), análise de agrupamento (HANSON, 1994), análise fatorial de correspondências (HILL, 1974) e análise de coordenadas principais (WESTCOTT, 1987); e (vii) métodos que integram a análise comum de variância (método univariado) com a análise de componentes principais (método multivariado), como é o caso da análise AMMI (*“Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis”*) sugerido por Gauch e Zobel (1996). A diferença entre eles origina-se nos

próprios conceitos apresentados e nos procedimentos matemáticos utilizados para medir a interação genótipo x ambiente (LAVORANTI, 2003).

Vencovsky e Barriga (1992) afirmam que, além das propriedades intrínsecas da análise de estabilidade, estes estudos permitem verificar o fenômeno da interação genótipo-ambiente. Segundo Becker e León (1988) e Romagosa e Fox (1993), a maioria dos melhoristas utiliza a análise de regressão para estudar a estabilidade fenotípica de plantas.

A capacidade de os materiais genéticos se comportarem bem em uma grande amplitude de condições ambientais é um requisito desejado para os programas de melhoramento genético. Neste contexto, o estudo de estabilidade é relevante. De acordo com Resende (2002a), um material é considerado estável quando apresenta pequenas variações no seu comportamento geral, ao ser avaliado em diversas condições de ambiente. Este autor aborda, em seus estudos, a estabilidade genotípica ou genética, ou seja, a estabilidade dos valores genéticos preditos para um mesmo material genético (genitor, clone, família, indivíduos), em diferentes ambientes, descrevendo o método de Wricke (WRICKE e WEBER, 1986).

O parâmetro de estabilidade associado ao método de Wricke é denominado de ecovalência e equivale à decomposição da soma de quadrados da interação genótipos x ambientes (da análise de variância conjunta) em partes devidas aos genótipos isolados. Resende (2002a) fornece o seu respectivo estimador, concluindo que a metodologia apresentada permite não só uma descrição contínua da estabilidade genética dos materiais, fornecendo uma distribuição coerente com a natureza quantitativa do caráter estabilidade, como também permite uma classificação discreta dos genótipos em estáveis e não estáveis.

Uma vez que os programas de melhoramento objetivam a seleção de genótipos consistentes e de elevada produtividade, nos mais diversos ambientes, a baixa eficiência na análise da interação GA pode representar um problema para esses programas, por reduzir a precisão de seleção de um ambiente para outro (LAVORANTI, 2003). A presença de interação GA provoca um aumento do desvio padrão fenotípico, reduz a herdabilidade nos ambientes e, conseqüentemente, diminui os ganhos potenciais genéticos (MATHESON e RAYMOND, 1986).



Todavia, apesar do grande empenho na busca de novos modelos e algoritmos que permitam melhor compreender os mecanismos da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, posições críticas constantes de melhoristas relatam a falta de uma análise criteriosa da estrutura da interação GA, como um dos problemas principais para a recomendação de cultivares (LAVORANTI, 2003).

Apesar de seu uso generalizado para os estudos da estabilidade e adaptabilidade, esses métodos apresentam algumas limitações que são freqüentemente discutidas, entre as quais destaca-se o emprego da média de todas as cultivares em cada condição, como medida do índice ambiental. Com tal procedimento, pode não ocorrer a independência entre as variáveis, especialmente quando o número de cultivares é inferior a 15, o que é uma séria restrição ao uso da regressão. Além disso, na maioria das vezes, a variação das estimativas do coeficiente de regressão é tão pequena que dificulta a classificação dos materiais quanto à estabilidade e adaptabilidade (LIN *et al.*, 1986; CROSSA, 1990).

A metodologia proposta por Lin e Binns (1988) é uma boa alternativa na avaliação da estabilidade, pois não apresenta as limitações mostradas pelo uso da regressão e possibilita a identificação de uma ou mais cultivares com desempenho próximo do valor máximo, nos vários ambientes testados. Ela estima o desvio de uma determinada variedade em relação ao material de desempenho máximo (índice  $P_i$ ), em cada ambiente. Logo, quanto menor o valor da estimativa desse índice, mais adaptado será o material e menor também será o desvio em torno da produtividade máxima em cada ambiente. Assim, uma maior estabilidade estará associada, obrigatoriamente, a uma maior produtividade (SCAPIN *et al.*, 2000).

Adicionalmente às limitações já apontadas, todos os métodos desenvolvidos até o momento, na procura de estabelecer modelos capazes de melhor interpretar a estabilidade e adaptabilidade fenotípica assumem, em geral, que os efeitos de tratamentos genéticos são fixos, o que é desvantajoso e incoerente com a prática simultânea da estimação de componentes de variância e parâmetros genéticos. Quando os efeitos de tratamentos são considerados fixos, a seleção é fenotípica. Para que a seleção seja genética, tais efeitos devem ser considerados aleatórios (RESENDE, 2004).

Considerando os efeitos genotípicos aleatórios, o procedimento ideal a ser adotado é o BLUP multivariado ou multi-ambientes, que considera intrinsecamente a heterogeneidade de variâncias genéticas e ambientais. Entretanto, com um grande número de ambientes, o modelo multivariado é praticamente impossível de ser ajustado. Dentre os modelos opcionais ao BLUP multivariado, que considera os efeitos genotípicos como aleatórios e permite inferências sobre os valores genéticos, estabilidade e adaptabilidade, encontra-se o modelo misto univariado de efeitos principais (G) e interação (GA), que leva em conta a heterogeneidade de variâncias, via transformação prévia de dados (RESENDE, 2004).

Simulações efetuadas por esse último autor mostram que a correção ou transformação de dados, multiplicando-os pela razão  $h_i/h_{im}$ , reproduziu os mesmos resultados, via G+GA, do modelo BLUP multivariado, conduzindo um viés de apenas 2%. No caso,  $h_i$  e  $h_{im}$  referem-se à raiz quadrada da herdabilidade no ambiente  $i$  e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, respectivamente. Esta transformação mostrou-se, em termos de viés, muito superior àquelas baseadas apenas na heterogeneidade da variância fenotípica.

Atualmente, procedimentos de interpretação mais simples têm sido preferidos para a análise da estabilidade e adaptabilidade. Nesse sentido, de acordo com Resende (2004), medidas que incorporam a estabilidade e a adaptabilidade em uma única estatística, tais como os métodos de Annicchiarico (1992) ou de Lin e Binns (1988) têm sido enfatizadas por Cruz e Carneiro (2003).

No contexto dos modelos mistos, segundo Resende (2004), a seleção considerando simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser feita por meio da estatística da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos, apresentando as seguintes vantagens, quando comparado com outros métodos: (i) considera os efeitos genotípicos como aleatórios; (ii) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; (iii) permite lidar com dados não balanceados; (iv) permite lidar com delineamentos não ortogonais; (v) considera os erros correlacionados dentro de locais; (vi) fornece valores genéticos já descontados da instabilidade; e (vii) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

### 3 METODOLOGIA

#### 3.1 CARACTERIZAÇÃO GEOGRÁFICA, EDÁFICA E CLIMÁTICA DOS LOCAIS EXPERIMENTAIS

Os testes combinados de procedências e progênies de *Eucalyptus grandis* foram estabelecidos nas áreas pertencentes a International Paper do Brasil Ltda (Champion Papel e Celulose S.A.); Ripasa S.A. Celulose e Papel e Votorantim Celulose e Papel - VCP Florestal, respectivamente nos municípios de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, no Estado de São Paulo. Os dados de localização geográfica dos testes e respectivas altitudes estão apresentados no Quadro 1.

QUADRO 1 - LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA DOS TESTES DE PROCEDÊNCIAS E PROGÊNIES DE *E. grandis*, NO ESTADO DE SÃO PAULO

LOCAIS	LATITUDE (°S)	LONGITUDE (°O)	ALTITUDE (m)
Mogi Guaçu - SP	22°22'	46°56'	589
Boa Esperança Sul - SP	21°57'	48°32'	540
Caçapava - SP	23°03'	45°46'	650

Os solos das áreas experimentais pertencem à classe LATOSSOLO VERMELHO ESCURO distrófico, para o local de Mogi Guaçu; LATOSSOLO AMARELO distrófico psamítico para Boa Esperança do Sul, e ARGISSOLO VERMELHO AMARELO distrófico típico para Caçapava (EMBRAPA, 1999). A textura é arenosa para os solos de Caçapava, média para os solos de Mogi Guaçu, e bastante arenosa para os solos de Boa Esperança do Sul. O tipo de relevo é suavemente ondulado para Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul e ondulado para Caçapava.

O clima tropical da região dos três locais estudados, segundo a Classificação de Köppen, é do tipo Cwa - mesotérmico, com verão quente e úmido, sendo o

inverno seco e as geadas raras. Os dados de precipitação pluviométrica e de temperatura locais, bem como os valores de deficiência hídrica, para cada local de teste, são mostrados no Quadro 2.

QUADRO 2 - VALORES DE PRECIPITAÇÃO PLUVIOMÉTRICA MÉDIA ANUAL, DEFICIÊNCIA HÍDRICA ANUAL E DE TEMPERATURAS DOS LOCAIS EXPERIMENTAIS, OBTIDOS NO PERÍODO DE 1989 A 1991.

LOCAIS	TEMPERATURAS (°C)					PRECIP. PLUVIOM. MÉDIA ANUAL (mm)	DEFICIÊNCIA HÍDRICA ANUAL (mm)
	Mínima Absoluta	Máxima Absoluta	Média Anual	Média mês+frio	Média mês+quente		
Mogi	-3,0	36,6	20,6	15,0	23,0	1.375	36
Guaçu	(jul.)	(out.)		(jul.)	(jan.)	nov.-mar.	
Boa Esperança Sul	-1,0	34,0	21,0	15,0	23,0	1.300	120
	(jul.)	(jan.)		(jun.)	(nov.)	out.-mar.	
Caçapava	-4,0	30,0	20,0	10,0	24,0	1.260	220
	(jul.)	(jan.)		(jul.)	(jan.)	out.-mar.	

### 3.2 CARACTERIZAÇÃO E PREPARO DO MATERIAL PARA PLANTIO

Em função do grande número de progênies a serem testadas e para permitir o maior aproveitamento possível do material genético disponível, a produção de mudas foi centralizada em um único viveiro (Ripasa S.A. Celulose e Papel), padronizada segundo procedimentos orientados pela Embrapa Florestas. Os testes foram estabelecidos no campo em março de 1986, para Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul, e em janeiro de 1988 para Caçapava, em locais representativos das áreas destinadas ao reflorestamento daquelas empresas.

Face à previsão de produzir sementes melhoradas, após desbaste das árvores inferiores, todos os testes foram isolados por plantações florestais contendo espécies não afins com *E. grandis*, ou com faixas livres de vegetação.

O tipo de vegetação original nos três locais era o Cerrado e a vegetação imediatamente anterior ao estabelecimento dos testes eram plantações de eucalipto para os locais de Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul e pastagem para Caçapava.

O preparo de solo foi feito com arado reformador (camalhão sobre a linha de tocos) em Mogi Guaçu e Boa Esperança do Sul, e por meio de gradagens pesada e

leve em Caçapava.

Os plantios de todos os locais não foram irrigados, mas, para garantir que as mudas mantivessem um bom estado nutricional no primeiro ano de crescimento, aplicou-se uma adubação mínima. Nos testes de Mogi Guaçu e de Boa Esperança do Sul, empregou-se a quantidade de 120 g/planta de NPK - 10:20:10, sob coroamento de 15-20 cm ao redor da muda, com a sua incorporação ao solo. Para esses mesmos locais anteriores, seis meses após o plantio, foi feita outra adubação, na quantidade de 50 g de NPK - 12:6:12, mais 10 g de FTE BR9, em forma de meia lua, distante 30 cm das plantas. No teste de Caçapava, por ocasião do plantio, foram aplicados 175 g de NPK - 10:20:10, mais 3% enxofre; 0,3% boro e 0,3% zinco.

### 3.3 GERMOPLASMA

O germoplasma utilizado é parte integrante do material coletado na Austrália, em expedição realizada pela Embrapa Florestas, em 1984, envolvendo dez espécies, 56 procedências de sementes de eucaliptos e cerca de 1066 árvores. Para *E. grandis*, foram amostradas duzentas árvores de dez procedências de sementes, em Queensland (QLD) e Nova Gales do Sul (NSW). As procedências de sementes testadas neste trabalho foram amostradas de árvores com polinização aberta, supostamente de famílias de meios-irmãos, crescendo em populações naturais de *E. grandis*. Os dados de localização geográfica das procedências australianas e o número total de progênies avaliadas são mostrados no Quadro 3.

QUADRO 3 - LOCALIZAÇÃO GEOGRÁFICA DAS PROCEDÊNCIAS AUSTRALIANAS DE SEMENTES TESTADAS E NÚMERO TOTAL (53) DE PROGÊNIES AVALIADAS EM CADA LOCAL

PROCEDÊNCIAS	NÚMERO DE PROGÊNIES	LAT. (°S)	LONG. (°E)	ALT. (m)
Ravenshoe - Mt. Pandanus - QLD	20	17°42'	145°28'	860-940
Mareeba - QLD	11	17°06'	145°38'	900-1140
Mt. George - NSW	22	31°50'	152°01'	230

LAT. = Latitutde; LONG. = Longitude; e ALT. = Altitude

### 3.4 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E COLETA DE DADOS

O delineamento utilizado foi o de blocos de famílias compactadas, com seis plantas constituindo as progênies, no espaçamento de 3 m x 2 m, com repetições ou blocos variando de cinco a dez, para os locais (Quadro 4). Em todos os três testes, foram mensurados o diâmetro à altura do peito (DAP), a altura total da árvore (altura) e feita a contagem de sobrevivência das plantas. A partir desses dados, foi estimado o volume cilíndrico total da árvore com casca (volume).

Entretanto, em razão dos altos valores previamente obtidos para as correlações genética e fenotípica entre as três variáveis (altura, DAP e volume) para cada local experimental e da grande quantidade de dados que necessitariam ser processados, somente foi considerado o DAP neste trabalho, servindo os dados de altura e volume de madeira apenas para se dar uma idéia da magnitude de crescimento médio dos materiais testados. Deve-se ressaltar que a mensuração do DAP apresenta maior facilidade de acesso e exatidão no momento de sua avaliação, comparativamente à medição indireta da altura das árvores (STURION *et al.*, 1994), além do fato de o DAP estar altamente correlacionado com a altura e volume das árvores, em termos genéticos.

O número de progênies por procedência, número de repetições ou blocos, número total de árvores em cada teste, bem como a idade de avaliação, são mostrados no Quadro 4, destacando-se que todas as três procedências e 53 progênies são comuns aos três locais de testes.

QUADRO 4 - NÚMERO DE REPETIÇÕES, NÚMERO DE PROGÊNIES POR PROCEDÊNCIA, TOTAL DE ÁRVORES POR EXPERIMENTO E IDADE DE AVALIAÇÃO

LOCAIS	NÚMERO DE REPETIÇÕES			NÚMERO DE PROGÊNIES			TOTAL DE ÁRVORES	IDADE (MESES)
	RAV	MAR	MTG	RAV	MAR	MTG		
Mogi Guaçu	9	10	10	20	11	22	3.060	72
Boa Esperança	9	7	10	20	11	22	2.862	61
Caçapava	5	5	5	20	11	22	1.590	60

RAV = Ravenshoe – Mt. Pandanus-QLD; MAR = Mareeba-QLD; MTG = Mt. George-NSW

### 3.5 CORREÇÃO DE DADOS E HETEROGENEIDADE DE VARIÂNCIAS

Na análise de grupos de experimentos, principalmente com diferentes idades, a padronização de dados é recomendável, com vistas a excluir o efeito de escala dos caracteres estudados e reduzir a heterogeneidade de variâncias entre os locais.

É importante ressaltar que, devido à avaliação dos testes ter sido feita em diferentes idades e face à distinta qualidade do ambiente de cada teste, procedeu-se a uma padronização ou correção dos dados, empregando-se valores do desvio padrão fenotípico e de estimativas de herdabilidades. A correção dos dados pelo desvio padrão fenotípico foi feita, dividindo-se cada observação ( $y$ ) do caráter avaliado pelo valor da raiz quadrada da variância fenotípica de cada local, conforme metodologia relatada por Resende (2002a). Os dados corrigidos pela herdabilidade foram obtidos, multiplicando-os pelo valor da razão  $h_i/h_{im}$ , respectivamente a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente  $i$ , e as médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, conforme metodologia sugerida por Resende (2004). Tal procedimento permite inferir sobre as eficiências de cada tipo de correção empregada, após seu processamento pelo programa computacional SELEGEN-REML/BLUP.

Os valores calculados do desvio padrão fenotípico e de herdabilidade individual, no sentido restrito, usados nas respectivas correções de dados de DAP, para a análise de cada teste e análise conjunta de locais, são mostrados no Quadro 5.

Todas as análises conjuntas de locais também tiveram seus dados de DAP previamente corrigidos pelo desvio padrão fenotípico médio (análise conjunta) e pela

QUADRO 5 - VALORES DE DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO E DE HERDABILIDADE USADOS PARA A CORREÇÃO DE DAP

PARÂMETROS	LOCAIS			
	MOGI GUAÇU	BOA ESPERANÇA SUL	CAÇAPAVA	EM CONJUNTO
$\hat{\sigma}_f$	4,3710	3,2926	2,7504	3,6565 <sup>(1)</sup>
$h^2$	0,2485	0,2069	0,2150	0,2235 <sup>(2)</sup>

( $\hat{\sigma}_f$ ) = desvio-padrão fenotípico e  $h^2$  = herdabilidade individual, no sentido restrito, para o caráter DAP = diâmetro à altura do peito; (1) = desvio padrão fenotípico da análise conjunta dos três locais; (2) = herdabilidade média de locais

razão  $h_i/h_{im}$  média entre os locais (raiz quadrada da herdabilidade  $h_i$  sobre a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente ou local  $h_{im}$ ).

Os dados corrigidos foram, então, comparados com os dados não corrigidos, visando averiguar a eficiência da correção ou padronização efetuada, na redução da heterogeneidade das variâncias genéticas. A eficiência foi avaliada em termos da coincidência do número de indivíduos e de famílias comuns aos respectivos ordenamentos gerados pelo SELEGEN-REML/BLUP, na comparação dos dados resultantes de cada tipo de correção com os dados não corrigidos, expressa em porcentagem. Em nível de indivíduos, a comparação foi feita, considerando-se apenas os primeiros cinquenta indivíduos de cada ordenamento resultante dessas análises.

### 3.6 ANÁLISE DA INTERAÇÃO POR MEIO DA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS

Os dados dos testes foram organizados em agrupamentos por locais, procedendo-se o cruzamento de dados entre os locais, dois a dois, de acordo com o Quadro 6.

QUADRO 6 - ORGANIZAÇÃO DOS ARQUIVOS DE DADOS DOS TESTES, PARA A ANÁLISE DA INTERAÇÃO ENTRE LOCAIS

ARQUIVOS	TESTES	LOCAIS
1	EGR-067	MOGI GUAÇU
2	EGR-114	BOA ESPERANÇA DO SUL
3	EGR-228	CAÇAPAVA
4	EGR-067 + EGR-114	MOGI GUAÇU + BOA ESPERANÇA DO SUL
5	EGR-067 + EGR-228	MOGI GUAÇU + CAÇAPAVA
6	EGR-114 + EGR-228	BOA ESPERANÇA DO SUL + CAÇAPAVA

As análises foram processadas pelo programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, para a estimação da correlação genética entre locais ( $rg_{loc}$ ). O modelo estatístico 4 do referido programa foi empregado, com o acréscimo do efeito da



interação genótipo x ambiente ao modelo 1, descrito no item 3.7.1. Esse modelo é indicado para a estimação da correlação genética entre locais (rgloc), para experimentos com delineamento de blocos ao acaso, progênie de meios-irmãos, várias plantas por parcela e vários locais. Os testes foram analisados comparando-se os locais dois a dois e, para tanto, foram utilizados os arquivos de números quatro, cinco e seis, mostrados no Quadro 6.

A seqüência de dados para a análise empregando o modelo 4, no programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) é a seguinte:

**Indivíduo, progênie, bloco, parcela, interação, árvore, variáveis**

### 3.7 ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS GENÉTICOS

Para a avaliação dos 7.512 indivíduos reunidos na análise conjunta de locais, os arquivos de números um, dois e três foram seqüencialmente ordenados.

Para as distintas análises, foram utilizados os modelos estatísticos 1, 5 e 14 do programa computacional SELEGEN-REML/BLUP, desenvolvido por Resende (2002b), descritos adiante:

#### 3.7.1 Modelo estatístico 1 - blocos ao acaso, progênie de meios irmãos, várias plantas por parcela

O modelo 1 aplica-se aos testes de progênie de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, várias plantas por parcela, um só local e uma única população. As variáveis foram analisadas pela metodologia do modelo linear misto (univariado aditivo)-REML/BLUP, seguindo-se o procedimento apresentado por Resende e Fernandes (1999), indicado a seguir:

$$y = Xb + Za + Wc + e$$

onde:  $y$ ,  $b$ ,  $a$ ,  $c$ , e  $e$  são vetores de dados, dos efeitos de blocos (fixos), de

efeitos genéticos aditivos (aleatório), de efeitos de parcela (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente.

X, Z e W: matrizes de incidência para b, a e c, respectivamente.

As distribuições e estruturas de médias e variâncias são:

$$y|b, V \sim N(Xb, V)$$

$$a|A, \sigma_A^2 \sim N(0, A\sigma_A^2)$$

$$c|\sigma_c^2 \sim N(0, I\sigma_c^2)$$

$$e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$$

$$COV(a, c') = 0 \quad COV(a, e') = 0 \quad COV(c, e') = 0$$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} y \\ a \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZG & WC & R \\ GZ' & G & 0 & 0 \\ CW' & 0 & C & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix}, \text{ em que :}$$

$$G = A\sigma_A^2$$

$$R = I\sigma_e^2$$

$$C = I\sigma_c^2$$

$$V = ZA\sigma_A^2Z' + WI\sigma_c^2W' + I\sigma_e^2 = ZGZ' + WCW' + R$$

Equações do modelo misto

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{c} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}, \text{ em que}$$

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1-h^2-c^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_c^2} = \frac{1-h^2-c^2}{c^2}$$

$$h_2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade individual no sentido restrito do bloco};$$

$$C^2 = \frac{\sigma_c^2}{\sigma_a^2 + \sigma_c^2 + \sigma_e^2} = \text{correlação devido ao ambiente comum da parcela};$$

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;

$\sigma_c^2$  = variância entre parcelas;

$\sigma_e^2$  = variância residual (ambiente dentro de parcelas + não aditiva);

A = matriz de correlação genética aditiva entre indivíduos em avaliação.

A seqüência de dados para a análise empregando o modelo 1, no programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) é a seguinte:

**Indivíduo, progênie, bloco, parcela, árvore, variáveis**

### 3.7.2 Modelo estatístico 5 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações

O modelo 5 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, um local e com mais de uma procedência. Este modelo, além de classificar os melhores indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisa também as procedências pelos seus valores genotípicos. Ao modelo 1, foi acrescentado o efeito de procedências.

A seqüência de dados para a análise empregando o modelo 5, no programa computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b) é a seguinte:

**Indivíduo, progênie, bloco, parcela, procedência, árvore, variáveis**

### 3.7.3 Modelo estatístico 14 - blocos ao acaso, progênies de meios-irmãos, várias plantas por parcela, várias populações e vários locais

O modelo 14 aplica-se aos testes de progênies de meios-irmãos, com delineamento de blocos ao acaso, com várias plantas por parcela, várias populações e vários locais. Este modelo também classifica os melhores indivíduos pelos seus respectivos valores genéticos preditos, analisando as procedências pelos seus valores genotípicos, considerando vários locais e populações.

O modelo estatístico BLUP individual e o Índice de multi-efeitos com uma avaliação por indivíduo, associado à avaliação de  $p$  procedências,  $f$  progênie, em  $b$  blocos, com  $n$  plantas por parcela equivale a:

$$Y_{ijkl} = \mu + p_i + f_{ij} + b_k + pb_{ik} + e_{ijk} + \delta_{ijkl}$$

onde:  $Y_{ijkl}$ : observação do indivíduo  $ijkl$

$\mu$  : média geral, fixa,  $E(\mu) = \mu$  e  $E(\mu^2) = \mu^2$

$p_i$  : efeito da procedência ou população  $i$ , aleatório,  $E(p_i) = 0$  e  $E(p_i^2) = \sigma_p^2$

$f_{ij}$  : efeito da família  $j$ , dentro da população  $i$ , aleatório,  $E(f_{ij}) = 0$  e  $E(f_{ij}^2) = \sigma_f^2$

$b_k$  : efeito fixo do bloco ou repetição  $k$ ,  $E(b_k) = b_k$  e  $E(b_k^2) = V_b$

$pb_{ik}$  : efeito da interação da procedência  $i$  com o bloco  $k$ , aleatório,

$$E(pb_{ik}) = 0 \text{ e } E(pb_{ik}^2) = \sigma_{pb}^2$$

$e_{ijk}$  : efeito da interação do bloco  $k$  com a família  $j$  da procedência  $i$ , aleatório,

$$\text{com } E(e_{ijk}) = 0 \text{ e } E(e_{ijk}^2) = \sigma_e^2$$

$\delta_{ijkl}$  : efeito do indivíduo  $l$  dentro da parcela  $ijk$ , aleatório, com

$$E(\delta_{ijkl}) = 0 \text{ e } E(\delta_{ijkl}^2) = \sigma_\delta^2$$

A estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos foi feita pelo Método de Verossimilhança Restrita (REML), sob modelo individual, para atender às condições de dados não balanceados dos testes estudados, conforme enfatiza Resende (2002a). A preferência por esse método mais atual decorre de suas propriedades estatísticas, que são superiores às propriedades dos estimadores pelo método dos Mínimos Quadrados, conforme recomendam Searle *et al.* (1992).

Após a identificação dos melhores indivíduos, com base nos valores genéticos individuais para o crescimento em DAP, oriundos da seleção simulada, os testes poderão ser, opcionalmente, transformados em pomares de sementes por mudas e os melhores vinte ou cinquenta indivíduos poderão ser propagados para um pomar clonal de sementes.

A seqüência de dados para a análise empregando o modelo 14, no programa computacional SELEGEN - REML / BLUP (RESENDE, 2002b), é a seguinte:

**Indivíduo, progênie, bloco, parcela, procedência, interação, árvore, variáveis.**

Quando o delineamento experimental de um determinado teste apresenta as progênies alocadas hierarquicamente dentro de procedências (arranjo de famílias compactadas), existem duas opções quanto aos modelos matemáticos a adotar, para tratar as populações, ou seja, como efeito fixo ou aleatório. Tratando-as como efeito fixo, no procedimento BLUP, com vantagem, de acordo com Resende (2002a), podem-se ajustar as observações individuais para as estimativas BLUE (*“Best Linear Unbiased Estimators”*) dos efeitos das procedências nos blocos, isto é, considerar o ambiente homogêneo da grande parcela de procedência como efeito fixo, para o qual as observações de campo devam ser ajustadas. Neste caso, deve-se ajustar a combinação bloco-procedência como efeito fixo (com  $bp$  níveis, onde  $b$  é o número de blocos e  $p$  é o número de procedências) e empregar o modelo 1, considerando as procedências como uma única população. Ainda, considerando as procedências ou populações tanto como efeitos fixos ou aleatórios, visando a seleção de indivíduos, aos efeitos de procedências devem ser somados os valores genéticos individuais preditos. Com isto, os indivíduos de diferentes procedências podem ser comparados diretamente por seus novos valores genéticos preditos.

Desta forma, o modelo matemático, distribuições e estruturas de médias e variâncias, equações, estimadores e preditores descritos para o modelo 1 também foram aplicados ao modelo 14, considerando mais de uma população e vários locais.

#### 3.7.4 Desvios padrões das estimativas de herdabilidades individuais

Os desvios padrões das estimativas das herdabilidades individuais [ $\hat{S}(\hat{h}_a^2)$ ], foram estimados conforme indicado por Falconer (1987):

$$\hat{s}(\hat{h}_a^2) = \sqrt{32h^2 / nbp}$$

onde:  $nbp$  = número total de árvores avaliadas por caráter, no experimento

### 3.7.5 Estimativas de correlações genéticas e fenotípicas

As correlações genéticas em nível de indivíduos e fenotípicas em nível de médias de progênes foram estimadas a partir das seguintes expressões fornecidas por Falconer (1987):

a) coeficiente de correlação genética aditiva ( $r_A$ )

$$r_{Axy} = \frac{C\hat{O}V_A(X,Y)}{(\hat{\sigma}_{Ax}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Ay}^2)^{1/2}}$$

onde:  $C\hat{O}V_A(X,Y)$  = covariância genética aditiva entre as características x e y;

$\hat{\sigma}_{Ax}^2$  = variância genética aditiva da característica x;

$\hat{\sigma}_{Ay}^2$  = variância genética aditiva da característica y;

b) coeficiente de correlação fenotípica em nível de média de progênes ( $r_{\bar{F}}$ )

$$r_{\bar{F}} = \frac{C\hat{O}V_{\bar{F}}(X,Y)}{(\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2)^{1/2}}$$

onde:  $C\hat{O}V_{\bar{F}}(X,Y)$  = covariância fenotípica entre as características x e y, em nível de média de progênes;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2$  = variância fenotípica da característica x;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2$  = variância fenotípica da característica y;

### 3.8. SIMULAÇÃO DA SELEÇÃO E PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS

Em função da sua importância e vantagens que propicia à predição de ganhos genéticos, as simulações da seleção para produtividade, considerando também a estabilidade e adaptabilidade dos indivíduos candidatos à seleção e suas combinações, foram empregadas neste trabalho.

### 3.8.1 Seleção de famílias baseada na produtividade, adaptabilidade e estabilidade genotípicas

Muitos procedimentos de seleção de genitores produzem valores genéticos preditos, que são funções da média aritmética das observações realizadas nos indivíduos de sua progênie. O procedimento baseado na média aritmética é adequado por permitir a seleção por produtividade, mas inadequado por não permitir a seleção por homogeneidade da progênie. Aspectos referentes ao emprego da média harmônica, como medida de tendência central, e suas vantagens em relação ao uso da média aritmética são apresentados por Streiner (2000).

#### 3.8.1.1 Seleção de famílias para produtividade e estabilidade, baseada na média harmônica do valor genético (MHVG)

A predição baseada na média harmônica permite selecionar famílias, simultaneamente, por produtividade e estabilidade, e pode ser feita pelo emprego dos mesmos preditores BLUP e das equações do modelo misto utilizados na tradicional seleção baseada na média aritmética, os quais são fornecidos por Resende (2002a).

Para tanto, foi composto o vetor de dados, para as análises conjuntas de locais, como a recíproca de cada dado observado ( $y$ ), ou seja,  $1/y$ , conforme sugere Resende (2004). A média de  $(1/y)$  fornece uma função  $(1/H)$  da média harmônica ( $H$ ) desses dados. Assim, os resultados dos valores genéticos gerados pelo SELEGEN-REML/BLUP foram invertidos, visando à obtenção de  $H$ .

#### 3.8.1.2 Seleção de famílias para produtividade e adaptabilidade, baseada na performance relativa do valor genético (PRVG)

Genericamente, a performance relativa do valor genotípico tem sido utilizada há muito tempo (WRIGHT *et al.*, 1966), em termos de dados fenotípicos e constitui a

base do método de annichiarico (1992). No cálculo da PRVG (RESENDE, 2004), os valores fenotípicos (ou dados originais) são expressos como proporção da média geral de cada local (MI) e, posteriormente, obtém-se BLUP contendo o valor médio dessa proporção entre os locais, conforme ressaltado por Resende (2004).

#### 3.8.1.3 Seleção de famílias para produtividade, estabilidade e adaptabilidade, baseada na média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG)

A aplicação desse método, que permite selecionar indivíduos simultaneamente pelos três atributos, deve-se às principais vantagens de considerar os efeitos genotípicos como aleatórios e, assim, fornecer valores da estabilidade e adaptabilidade genotípicas (e não fenotípicas, como fornecem outros métodos); de lidar com dados não balanceados e heterogeneidade de variâncias; de fornecer dados já descontada a instabilidade e de gerar resultados na mesma escala do caráter avaliado (RESENDE, 2004).

A estatística da MHPRVG é aplicada preferencialmente sobre dados originais, expressando-os como MI/y e posteriormente obtendo-se BLUP para os valores genotípicos (média geral mais efeitos genotípicos), conforme recomenda Resende (2004). A recíproca destes multiplicada pela média geral de todos os testes fornece a MHPRVG na unidade de avaliação do caráter. Com esse procedimento, as diferentes precisões associadas aos valores genéticos preditos dos genótipos nos ambientes são automaticamente consideradas pelo procedimento REML/BLUP. Apresenta, ainda, a grande vantagem de considerar genótipos como efeitos aleatórios, fornecendo resultados que são interpretados diretamente como valores genéticos, diferentemente dos demais métodos que não o fornecem, tais como o de Lin e Binns (1988) e de Annicchiarico (1992), este último requerendo, adicionalmente, o estabelecimento de suposições para os valores da ordenada da curva normal padronizada ( $Z_{\alpha}$ ), associada ao nível de significância  $\alpha$ .



### 3.8.2 Critérios e estratégias de seleção de indivíduos para a predição de ganhos genéticos

Para a predição de ganhos genéticos, a seleção foi simulada conforme os seguintes critérios já mencionados: (i) produtividade e estabilidade (MHVG); (ii) produtividade e adaptabilidade (PRVG); e (iii) produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG) das melhores famílias, conforme metodologia indicada por Resende (2004). Como procedimentos de interpretação mais simples, tais medidas incorporando a estabilidade e adaptabilidade à produtividade e sua relação numa única estatística têm sido vantajosas e preferíveis. Adicionalmente, o método pode ser aplicado a um pequeno número de ambientes, como é o caso do presente trabalho, diferentemente de outros métodos para o estudo da estabilidade e adaptabilidade que exigem um grande número de ambientes. Para cada critério estabelecido, duas estratégias de seleção foram simuladas para a População Seleccionada, na análise conjunta de locais: (i) a seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família com os maiores valores genéticos, até atingir o total de duzentos indivíduos; e (ii) a seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos.

Levando-se em conta a presença de heterogeneidades das variâncias genéticas e ambientais, a aplicação do modelo misto univariado de efeitos principais (G) e interação GA requer alguma transformação prévia dos dados. De acordo com Resende (2004), a multiplicação dos dados pela razão  $h_i/h_{im}$ , raiz quadrada da herdabilidade no ambiente  $i$  e média das raízes quadradas das herdabilidades em cada local, respectivamente, reproduz via G+GA, os resultados do modelo BLUP multivariado (procedimento ideal, pois consideram os efeitos genotípicos como aleatórios), mostrando-se um fator de correção superior aos demais relatados na literatura, os quais baseiam-se apenas no desvio padrão fenotípico.

Considerando este fato, na simulação da seleção de famílias envolvendo os critérios: (i) produtividade e estabilidade; (ii) produtividade e adaptabilidade; e (iii) produtividade, estabilidade e adaptabilidade, os dados também foram previamente corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$ .

A seleção pelo critério empregando a média harmônica dos valores genéticos

(MHVG); a performance relativa dos valores genéticos (PRVG) e a média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) preditos foi avaliada em termos de eficiência, comparando-se o número de famílias comuns ou coincidentes nos ordenamentos gerados pelo REML/BLUP, entre os dados corrigidos e não corrigidos. A comparação foi feita, considerando-se apenas as primeiras vinte famílias de cada ordenamento resultante dessas análises, o que representa 37,74% do total de famílias estudadas.

### 3.9 TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL E NÚMERO EFETIVO DE FAMÍLIAS SELECIONADAS

A expressão geral do tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) em populações experimentais monóicas e alógamas, com variados números de indivíduos selecionados por família de meios-irmãos, fornecida por Resende e Bertolucci (1995), equivale a:

$$N_e = \frac{4N_f \bar{k}_f}{N_f + 3 + (\sigma_{k_f}^2 / k_f)}$$

onde:  $N_f$  = número de famílias amostradas;

$K_f$  = número médio de indivíduos selecionados por família;

$\sigma_{k_f}^2$  = variância do número de indivíduos selecionados por família.

Na seleção considerando os critérios: (i) produtividade e estabilidade; (ii) produtividade e adaptabilidade e (iii) produtividade, estabilidade e adaptabilidade, segundo as duas estratégias propostas, o número efetivo de famílias selecionadas equivale à seguinte expressão, conforme Robertson (1961):

$$N_{ef} = (\sum k_{fi})^2 / \sum k_{fi}^2,$$

onde  $k_{fi}$  é o número de indivíduos selecionados na família  $i$ .

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 CRESCIMENTO E SOBREVIVÊNCIA POR LOCAL

Os valores genotípicos de incrementos médios anuais individuais para altura, DAP e volume, bem como os valores de sobrevivência média de plantas, para procedência individualmente e para cada teste, são mostrados na Tabela 1.

TABELA 1 - VALORES GENOTÍPICOS DE INCREMENTOS MÉDIOS ANUAIS INDIVIDUAIS (IMA) PARA OS CARACTERES ALTURA (H), DIÂMETRO (DAP) E VOLUME (VOL) E SOBREVIVÊNCIA, PARA AS TRÊS PROCEDÊNCIAS

LOCAIS	PROCEDÊNCIAS	IMA H INDIVIDUAL (m/ano)	IMA DAP INDIVIDUAL (cm/ano)	IMA VOL INDIVIDUAL (m <sup>3</sup> /ano)	SOBRE- VIVÊNCIA MÉDIA (%)
Mogi Guaçu	Ravenshoe-QLD	3,9800	2,6016	0,0905	77,80
	Mareeba-QLD	3,8417	2,5467	0,0848	82,30
	Mt. George-NSW	3,8917	2,4183	0,0740	86,70
	Média do teste	3,9045	2,5222	0,0831	82,30
Boa Esperança do Sul	Ravenshoe-QLD	3,3384	2,4649	0,0469	70,90
	Mareeba-QLD	3,4111	2,5770	0,0534	61,04
	Mt. George-NSW	3,3856	2,4216	0,0459	74,80
	Média do teste	3,3784	2,4878	0,0487	68,90
Caçapava	Ravenshoe-QLD	2,7140	1,8760	0,0231	94,50
	Mareeba-QLD	2,7860	1,9480	0,0244	96,40
	Mt. George-NSW	2,8320	1,9620	0,0246	96,80
	Média do teste	2,7773	1,9287	0,0240	95,90

Para valores de médias de testes, os resultados obtidos revelam um incremento médio anual para DAP variando de 1,9287 cm (Caçapava) a 2,5222 cm (Mogi Guaçu). A sobrevivência média, também em nível de médias de testes, variou de 68,9% (Boa Esperança do Sul) a 95,9% (Caçapava), mostrando o potencial de crescimento do material genético nas condições estudadas (Tabela 1). Para efeito

de comparações com os resultados experimentais da Tabela 1, dados obtidos de plantações comerciais da espécie, crescendo em áreas representativas daquelas onde estão situados os referidos testes, oriundas de sementes com determinado grau de melhoramento, utilizadas pelas Empresas, revelam um incremento médio anual para DAP, da ordem de 2,40 cm; 2,57 cm e 2,82 cm, respectivamente, para os locais de Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava.

Os valores genotípicos dos incrementos médios anuais individuais para a altura, DAP e volume de madeira não diferem entre as procedências testadas em um mesmo local (Tabelas 1 e 2). Entretanto, esses mesmos valores são diferentes entre os locais (Tabela 1) e são provavelmente decorrentes das distintas condições edafoclimáticas presentes em cada local, principalmente.

Tais diferenças também foram encontradas por Gonçalves *et al.* (1990), ao determinar a contribuição da variação do solo e da variação devida à interação do genótipo com o solo, frente à variação fenotípica total existente entre sítios de *E. grandis*, em solos de textura arenosa e média do Estado de São Paulo, na análise conjunta de locais. Esses autores verificaram que a contribuição da variação ambiental, predominantemente a do solo, e a da variação devida à interação genótipo-ambiente entre os sítios testados foram altas. Também observaram um considerável aumento da contribuição da variação genética e redução da variação ambiental e da interação genótipo-ambiente, quando a análise de variância conjunta englobou apenas os solos de características físicas e químicas mais próximas.

Uma vez que não foram observadas diferenças entre as procedências, para os valores de incrementos médios anuais individuais da altura e DAP, em um mesmo local, optou-se por trabalhá-las como uma única População de Seleção.

#### 4.2 VALORES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA OS LOCAIS DE TESTES

Para o modelo 5 utilizado, com idades ajustadas para cinco anos, os seguintes valores para os componentes de variância foram obtidos (Tabela 2).

TABELA 2 - VALORES DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA (REML INDIVIDUAL) PARA VOLUME DE MADEIRA, EM NÍVEL DE INDIVÍDUO, PARA OS LOCAIS ESTUDADOS, NA IDADE AJUSTADA DE CINCO ANOS

PARÂMETROS	MOGI GUAÇU	BOA ESPERANÇA DO SUL	CAÇAPAVA
$\hat{h}_a^2$	0,2361	0,2046	0,2717
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0497	0,0478	0,0739
Va	0,0242	0,0043	0,0015
Vparc	0,0015	0,0025	0,0007
Vproc	0,0023	0,0002	0,0000
Ve	0,0746	0,0142	0,0034
Vf	0,1026	0,0212	0,0057
c2parc	0,0144	0,1169	0,1267
c2proc	0,0228	0,0108	0,0007
Média geral	0,4976	0,2448	0,1210

$\hat{h}_a^2$  = coeficiente de herdabilidade individual, no sentido restrito no bloco, ou seja, dos efeitos aditivos;  $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$  = desvio padrão das estimativas de herdabilidade; Va = variância genética aditiva; Vparc = variância ambiental entre parcelas; Vproc = variância genética entre procedências ou populações; Ve = variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva); Vf = variância fenotípica individual; c2parc = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c2proc = coeficiente de determinação dos efeitos de procedência.

As estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, para volume de madeira, obtidas para a idade considerada, apresentaram pequena magnitude de variação entre os locais, com valores aproximados de  $0,20 \pm 0,05$ ;  $0,24 \pm 0,05$  e  $0,27 \pm 0,07$ ; respectivamente, para Boa Esperança do Sul, Mogi Guaçu e Caçapava, (Tabela 2). Esses valores estão muito próximos daqueles encontrados para a herdabilidade individual, no sentido restrito, para volume de madeira de *E. grandis* testado na África do Sul, Estados Unidos da América do Norte, Uruguai e Brasil, na mesma idade (SNEDDEN *et al.*, 2000; REDDY e ROCKWOOD, 1989; KIKUTI, 1988; HIGA *et al.*, 1993; RESENDE *et al.*, 1994b).

As estimativas de herdabilidade para os três locais estudados também estão situadas no intervalo de valores de estimativas fornecidas por Resende (2002a), compreendidas entre 0,14 e 0,62 (média 0,28), para volume de madeira de *E. grandis* testado em Aracruz-ES. Adaptando valores obtidos na literatura, esse mesmo autor fornece valores de médias e medianas para estimativas de

herdabilidade individual, no sentido restrito, para várias espécies florestais. Baseada em 528 estimativas, a média da herdabilidade para volume de madeira foi 0,21, sendo que o valor da mediana foi 0,18.

Os valores de herdabilidade encontrados para volume de madeira, aos cinco anos de idade, individualmente nos locais estudados, indicam boas possibilidades de ganho genético aos programas de melhoramento de *E. grandis*, pois o progresso esperado pela seleção depende diretamente da herdabilidade e da intensidade da seleção (Tabela 2). Os baixos valores encontrados para os desvios padrões das herdabilidades, para volume (0,05 a 0,07), indicam que as herdabilidades foram estimadas adequadamente.

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ( $c2_{\text{parc}}$ ) são baixos, respectivamente 1,44%; 11,69% e 12,67%, para os locais Mogi Guaçu, Boa Esperança do Sul e Caçapava, para o caráter volume de madeira, provavelmente decorrentes da variação de solos entre os locais, indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro de bloco e que o delineamento experimental utilizado foi eficiente aos objetivos propostos das análises (Tabela 2).

#### 4.3 CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E GENÉTICAS ENTRE CARACTERES

Os valores das correlações fenotípicas, em nível de médias de famílias ( $r_F$ ), e das correlações genéticas aditivas, em nível de plantas ( $r_A$ ), entre pares de caracteres de crescimento e para os três locais, são apresentados nas Tabelas 3 e 4, respectivamente.

Os valores obtidos para as correlações fenotípicas entre pares de caracteres de crescimento, em nível de média de famílias, foram altos, para as procedências testadas nos três locais. Os valores dessas correlações foram maiores para as correlações entre o volume e o DAP, quando comparados com aqueles obtidos entre o volume e a altura (Tabela 3). Correlações tanto fenotípicas como genéticas positivas e altas entre caracteres de crescimento, para a espécie em questão, também têm sido relatadas por Kageyama (1980 e 1983), Moraes (1987), dentre outros autores.

TABELA 3 - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS E DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, EM NÍVEL DE MÉDIAS DE FAMÍLIAS, ENTRE PARES DE CARACTERES DE CRESCIMENTO DE PROCEDÊNCIAS DE *E. grandis*, PARA OS TRÊS LOCAIS

PROCE- DÊNCIA	CARÁTER	ALTURA			DAP			VOLUME		
		M	B	C	M	B	C	M	B	C
RAVENSHOE- QLD	ALTURA	-	-	-	0,84	0,91	1,00	0,80	0,92	0,96
	DAP	0,85	0,89	0,97	-	-	-	0,98	0,98	0,99
	VOLUME	0,79	0,98	1,00	0,99	0,98	1,00	-	-	-
MAREEBA- QLD	ALTURA	-	-	-	1,00	1,00	1,00	0,97	0,92	0,90
	DAP	0,97	0,91	0,97	-	-	-	0,98	0,99	0,95
	VOLUME	1,00	1,00	1,00	0,99	1,00	0,93	-	-	-
MT GEORGE- NSW	ALTURA	-	-	-	0,90	0,90	1,00	0,86	0,91	0,94
	DAP	0,89	0,89	0,91	-	-	-	0,98	0,98	0,95
	VOLUME	0,88	0,98	1,00	0,99	0,99	0,96	-	-	-

M = Mogi Guaçu; B = Boa Esperança do Sul e C = Caçapava;

Valores situados na diagonal superior referem-se às correlações genéticas aditivas e os valores situados na diagonal inferior referem-se às correlações fenotípicas

Os valores obtidos para as correlações genéticas aditivas entre pares de caracteres de crescimento, em nível de indivíduos, também foram altos, para as procedências testadas nos três locais. Os valores também foram maiores para as correlações entre o volume e o DAP, quando comparados com aqueles encontrados entre o volume e a altura. Uma correlação alta entre o volume e o DAP, significa que a seleção baseada no DAP representa o volume, com uma adequada exatidão (Tabela 4).

Correlações tanto fenotípicas como genéticas, positivas e altas, têm sido comumente encontradas entre os caracteres de crescimento para espécies florestais, como aquelas reportadas por Kageyama (1980 e 1983), Moraes (1987); Sturion (1993), Resende *et al.* (1994b), dentre outros.

Em função dos altos valores observados para as correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres de crescimento, dentro de um mesmo local de teste, e com o objetivo de reduzir o número de análises a serem processadas, optou-se por trabalhar apenas com o DAP, como caráter de crescimento.

TABELA 4 - ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ADITIVAS, EM NÍVEL DE INDIVÍDUOS ( $r_A$ ), ENTRE PARES DE CARACTERES DE CRESCIMENTO DE PROCEDÊNCIAS DE *E. grandis*, PARA OS TRÊS LOCAIS

PROCE- DÊNCIA	CARÁTER	ALTURA			DAP			VOLUME		
		M	B	C	M	B	C	M	B	C
RAVENSHOE- QLD	ALTURA	-	-	-	0,84	0,91	1,00	0,85	0,90	0,88
	DAP	0,90	0,93	0,91	-	-	-	0,98	0,99	0,95
	VOLUME	0,79	0,98	1,00	0,99	0,98	1,00	-	-	-
MAREEBA- QLD	ALTURA	-	-	-	1,00	1,00	1,00	0,86	0,90	0,83
	DAP	0,90	0,99	0,86	-	-	-	0,97	0,99	0,96
	VOLUME	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00	0,94	-	-	-
MT GEORGE- NSW	ALTURA	-	-	-	0,90	0,90	1,00	0,85	0,88	0,83
	DAP	0,89	0,91	0,83	-	-	-	0,96	0,97	0,95
	VOLUME	0,88	0,95	1,00	0,99	0,90	0,96	-	-	-

M = Mogi Guaçu; B = Boa Esperança do Sul e C = Caçapava;

Valores situados na diagonal superior referem-se às correlações genéticas aditivas e os valores situados na diagonal inferior referem-se às correlações fenotípicas

#### 4.4 CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE LOCAIS ( $r_{gloc}$ )

As análises de correlações genéticas entre locais foram obtidas a partir dos arquivos mostrados no Quadro 6, para as comparações de locais, dois a dois. Em função dos altos valores encontrados para as correlações entre volume e DAP observadas para as procedências de *E. grandis*, em cada local, os valores da correlação genética entre locais são fornecidos, doravante, apenas para o caráter DAP, deduzindo-se que esse caráter representa, com exatidão adequada, o caráter volume de madeira. A Tabela 5 apresenta os resultados da análise das correlações genéticas entre locais ( $r_{gloc}$ ), geradas pelo modelo 14 do programa SELEGEN-REML/BLUP.

A correlação genética entre locais pareados mostra valores de alta magnitude, indicando que a interação genótipo x ambiente é baixa, exceto para os locais pareados Mogi Guaçu e Caçapava que é moderada, o que realça a necessidade de desenvolver estudos de estabilidade e adaptabilidade (Tabela 5). Resultados similares foram encontrados por Duda *et al.* (1997), estudando o comportamento de



TABELA 5 - VALORES DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS PARA LOCAIS PAREADOS (rgloc), COM DADOS DE DAP CORRIGIDOS PELO DESVIO PADRÃO FENOTÍPICO ( $\hat{\sigma}_f$ )

DAP	LOCAIS PAREADOS			
CORRIGIDO PELO $\hat{\sigma}_f$	MOGI GUAÇU / BOA ESPERANÇA	MOGI GUAÇU / CAÇAPAVA	BOA ESPERANÇA / CAÇAPAVA	MÉDIA
CORRELAÇÕES GENÉTICAS	0,68	0,58	0,90	0,72

famílias de meios-irmãos de *E. grandis*, em Arapoti-PR, que observaram um valor de 0,75 para a correlação genética.

Considerando os resultados obtidos para a correlação genética entre os locais pareados (Tabela 5) e locais agrupados (Tabela 7), pode-se admitir, como estratégia, uma única seleção visando estabelecer material genético melhorado comum (População Seleccionada ou População de Melhoramento) ao atendimento dos três locais estudados, já que uma alta correlação genética revela que o melhor material em um ambiente tenderá a ser melhor também no outro ambiente. Segundo Resende (2002a), uma População de Melhoramento única, com seleção de materiais estáveis (seleção pela média de locais), deve ser adotada quando o valor da correlação genética entre locais estiver compreendido entre os valores 0,70 e 0,90. O valor obtido para a correlação genética (0,7646) envolvendo as análises conjuntas de locais, para o critério mais importante na prática (MHPRVG), corrobora isto (Tabela 7). Da mesma forma, um único Pomar Clonal de Sementes oriundo de indivíduos da População de Melhoramento ou Seleccionada, apresentando um adequado tamanho efetivo populacional, poderia ser estabelecido, sendo capaz de atender as necessidades e manter alelos favoráveis e de interesse às próximas gerações.

#### 4.5 SELEÇÃO SIMULADA, VALORES GENÉTICOS E GANHOS PREDITOS

Os resultados da simulação de seleção dos indivíduos com os maiores valores genéticos individuais foram obtidos pelo emprego do modelo 14 do programa

computacional SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2002b), com os dados não corrigidos e corrigidos, para o estabelecimento da População Seleccionada. Também foram simuladas as seleções empregando-se os critérios de produtividade, estabilidade e adaptabilidade propostos.

#### 4.5.1 Resultados da correção de dados para as análises conjuntas de locais

Os resultados gerados pela correção ou transformação de dados, em termos do número de famílias comuns e número de indivíduos comuns nos ordenamentos resultantes das análises conjuntas de locais, para o caráter DAP, em relação aos dados não corrigidos, são apresentados na Tabela 6.

TABELA 6 - NÚMEROS DE FAMÍLIAS COMUNS (NF) E NÚMERO DE INDIVÍDUOS COMUNS (NI), NA COMPARAÇÃO DE ORDENAMENTOS OBTIDOS DE DADOS CORRIGIDOS E NÃO CORRIGIDOS GERADOS PELAS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS

NÚMERO DE FAMÍLIAS COMUNS – NF (%)		
TIPO DE DADO	CORRIGIDO $\hat{\sigma}_f$	CORRIGIDO $h_i / h_{im}$
NÃO CORRIGIDO	95	100
CORRIGIDO $\hat{\sigma}_f$	-	95
NÚMERO DE INDIVÍDUOS COMUNS – NI (%)		
NÃO CORRIGIDO	84	94
CORRIGIDO $\hat{\sigma}_f$	-	78

$\hat{\sigma}_f$  = desvio padrão fenotípico;  $h_i / h_{im}$  = respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente  $i$ , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

A correção prévia de dados pela razão  $h_i/h_{im}$  (Tabela 6) apresentou as mesmas famílias e o mesmo ordenamento (Tabela 10) de famílias, dentre as primeiras vinte listadas nas análises conjuntas de locais, quando comparadas com os dados não corrigidos. Embora recomendada na literatura sobre o assunto, a sua aplicação, no caso deste trabalho, não teria sido necessária, em função dos resultados gerados em nível de famílias. Isto ocorre devido aos baixos valores de heterogeneidades de variâncias ( $V_f$ ) observadas nos testes analisados (Tabela 2).

A correção de dados pelo desvio padrão fenotípico ( $\hat{\sigma}_f$ ), por sua vez, foi

ineficiente (95%), em termos do número de famílias comuns nos ordenamentos resultantes das análises conjuntas de locais (Tabela 6), em relação aos resultados obtidos pelo procedimento ótimo ( $h_i/h_{im}$ ).

Considerando o número de indivíduos comuns, dentre os primeiros cinquenta indivíduos listados nas análises conjuntas de locais, a não correção de dados produziu 94% de coincidências de indivíduos, comparativamente ao ordenamento resultante da correção feita pela razão  $h_i/h_{im}$  (Tabela 6). Assim, o procedimento pela razão  $h_i/h_{im}$  foi mais eficiente que os demais. A correção de dados pelo desvio padrão fenotípico ( $\hat{\sigma}_f$ ) proporcionou apenas 78% de coincidências no número de indivíduos comuns nos ordenamentos, produzindo resultados piores que a não correção de dados. Em resumo, o procedimento  $h_i/h_{im}$  foi 6% mais eficiente que a não correção de dados e 28% mais eficiente que a correção de dados pelo desvio padrão fenotípico ( $\hat{\sigma}_f$ ).

#### 4.5.2 Estimativas de parâmetros genéticos para as análises conjuntas de locais, com dados não corrigidos e corrigidos

As estimativas dos parâmetros genéticos para as análises conjuntas de locais, considerando todas as procedências de sementes, com os dados de DAP não corrigidos e corrigidos são apresentadas na Tabela 7.

Os valores dos coeficientes de herdabilidade individual estimados ( $\hat{h}_a^2$ ), no sentido restrito, obtidos para o caráter DAP, tanto para os dados não corrigidos como corrigidos (Tabela 7), situam-se entre os valores médios comumente encontrados para *E. grandis*, na literatura sobre o assunto (KAGEYAMA, 1980; MORAES, 1987; ODA *et al.*, 1989; RESENDE e HIGA, 1994; RESENDE e BERTOLUCCI, 1995). Esses valores também situam-se no intervalo de valores de herdabilidade relatados por Resende (2002a), cujas estimativas estão compreendidas entre 0,10 e 0,43 para DAP de *E. grandis* testado em vários locais do Brasil. Adaptando valores obtidos na literatura, esse último autor fornece ainda valores de médias e medianas para estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, para várias espécies florestais.

TABELA 7 - VALORES DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA PARA O CARÁTER DAP, NA ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS, CONSIDERANDO OS DADOS NÃO CORRIGIDOS E CORRIGIDOS E CRITÉRIOS DE SELEÇÃO PARA PRODUTIVIDADE E ESTABILIDADE (MHVG), PRODUTIVIDADE E ADAPTABILIDADE (PRVG) E PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE (MHPRVG)

PARÂ- METROS	DAP – DIÂMETRO À ALTURA DO PEITO					
	NÃO CORRIGIDO	CORRIGIDO $\hat{\sigma}_f$	CORRIGIDO $h_i / h_{im}$	CRITÉRIO MHVG	CRITÉRIO PRVG	CRITÉRIO MHPRVG
$\hat{h}_a^2$	0,1637	0,1793	0,1580	0,1004	0,1768	0,1286
$\hat{s}(\hat{h}_a^2)$	0,0264	0,0276	0,0259	0,0207	0,0274	0,0234
Va	0,1694	0,1786	0,1689	0,0002	0,0162	0,0255
Vparc	0,4182	0,0427	0,4015	0,0001	0,0037	0,0066
Vproc	0,0128	0,0005	0,0156	0,0000	0,0000	0,0000
Vint	0,2879	0,0181	0,3192	0,0002	0,0019	0,0020
Ve	0,8099	0,7561	0,8435	0,0017	0,0700	0,1643
Vf	1,0350	0,9960	1,0690	0,0020	0,0918	0,1985
c2parc	0,0313	0,0429	0,0288	0,0418	0,0405	0,0335
c2proc	0,0010	0,0005	0,0011	0,0002	0,0003	0,0001
c2int	0,0215	0,0182	0,0229	0,0119	0,0206	0,0099
rgloc	0,6552	0,7116	0,6330	0,6780	0,6824	0,7646
Média	12,9192	13,1131	13,0355	11,2011	13,6005	13,7936

$\hat{h}_a^2$  = coeficiente de herdabilidade individual estimado, no sentido restrito, no bloco;  $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$  = desvio padrão das estimativas de herdabilidade; Va = variância genética aditiva, livre da interação GA; Vparc = variância ambiental entre parcelas; Vproc = variância entre procedências; Vint = variância da interação progênie x local; Ve = variância residual dentro de parcelas (ambiental + genética não aditiva); Vf = variância fenotípica individual; c2parc = coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c2proc = coeficiente de determinação dos efeitos de procedências; c2int = coeficiente de determinação dos efeitos da interação progênie x local; rgloc = correlação genotípica entre os locais e média = média geral do experimento com os locais agrupados; MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG=média harmônica da performance dos valores genéticos;  $\hat{\sigma}_f$  = desvio padrão fenotípico;  $h_i / h_{im}$  = respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente  $i$ , e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

Segundo Resende (2002a), baseando-se nas mesmas 528 estimativas referidas anteriormente, a média da herdabilidade para DAP foi 0,23, sendo que o valor da mediana foi 0,19.

Os valores obtidos para os desvios padrões das estimativas das herdabilidades [ $\hat{s}(\hat{h}_a^2)$ ] para o caráter DAP, variando de 0,0207 a 0,0276, foram baixos e próximos

entre eles, quer para os dados não corrigidos (0,0264) como para os corrigidos, indicando que as herdabilidades foram estimadas com grande exatidão, e confirmando também que o delineamento experimental utilizado foi adequado aos objetivos deste estudo (Tabela 7).

Da mesma forma, os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de parcela ( $c2_{\text{parc}}$ ) para o caráter DAP, foram baixos e próximos entre eles, quer para os dados não corrigidos (0,0313) como para os dados corrigidos, indicando uma baixa variabilidade ambiental entre parcelas dentro do bloco e que o delineamento experimental empregado foi eficiente (Tabela 7).

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos de procedências ( $c2_{\text{proc}}$ ), para o caráter DAP, na análise conjunta de locais, foram baixos e também próximos entre eles, tanto para os dados não corrigidos (0,0010) como para os dados corrigidos, indicando a presença de uma pequena magnitude em relação à variação total e que a contribuição ou efeito das procedências foi pequeno. Esse fato pode ser também confirmado pelos baixos valores (0 a 0,0128) encontrados para a variação entre procedências ( $V_{\text{proc}}$ ), tanto para os dados não corrigidos (0,0128) como para os corrigidos, comparativamente à magnitude dos valores obtidos para a variação genética aditiva (0,0002 a 0,1786), livre da interação ( $V_a$ ), respectivamente, para os dados não corrigidos (0,1694) e corrigidos (Tabela 7).

A magnitude dos valores obtidos para as estimativas de herdabilidade individual, no sentido restrito, mostra que um controle genético moderado pode ser obtido, o que garante que a seleção, em nível de indivíduos, propiciaria ganhos significativos para o caráter DAP (Tabela 7).

As correlações genóticas entre os locais ( $rg_{\text{loc}}$ ) apresentam valores muito próximos tanto para os dados não corrigidos (0,6552) como para os dados corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$  (0,6330) ou pelo desvio padrão fenotípico (0,7116). A magnitude e amplitude de variação dos valores das correlações genóticas obtidas das análises empregando os critérios de seleção pelas estatísticas da MHVG, PRVG e MHPRVG (0,6780 a 0,7646) situaram-se proximamente daquela observada para os dados não corrigidos e corrigidos (0,6330 a 0,7116). Deve-se ressaltar que a magnitude desses valores (0,6330 a 0,7646), resultantes das análises conjuntas de locais, indica que a interação genótipo x ambiente é baixa (Tabela 7).

Os valores dos coeficientes de determinação dos efeitos da interação progênie por local (c2int), para a análise conjunta de locais, foram muito baixos tanto para os dados não corrigidos (0,0215) como para os corrigidos, apresentando também uma pequena amplitude de variação, com valores entre 0,0099 e 0,0229 (Tabela 7).

#### 4.5.3 Resultados da seleção simulada pelos critérios da média harmônica (MHVG), performance relativa (PRVG) e média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG)

O número de famílias comuns ou coincidentes também foi comparado entre os ordenamentos resultantes da simulação das seleções pelos critérios empregando a MHVG, PRVG e MHPRVG, nas análises conjuntas de locais (Tabelas 8 e 10).

TABELA 8 - NÚMERO DE FAMÍLIAS COMUNS, EM PORCENTAGEM, NA COMPARAÇÃO DE ORDENAMENTOS OBTIDOS PARA A SELEÇÃO SIMULADA PELA MHVG, PRVG E MHPRVG

CRITÉRIOS	PRVG	MHPRVG
MHVG	80	85
PRVG	-	80

MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG=média harmônica da performance dos valores genéticos.

Na comparação dos ordenamentos resultantes dessas simulações de seleção, dentre as vinte primeiras famílias comuns listadas nas análises conjuntas de locais, observam-se valores de 80% para as coincidências de famílias entre os critérios da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) e da performance relativa dos valores genéticos (PRVG), e entre os critérios da média harmônica dos valores genéticos (MHVG) e da performance relativa dos valores genéticos (PRVG). Na comparação dos ordenamentos resultantes dos critérios da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) e da média harmônica dos valores genéticos (MHVG), observa-se 85% de coincidências entre as vinte primeiras famílias comuns listadas nas análises conjuntas de locais (Tabelas 8 e 10). Tais resultados permitem inferências seguras

sobre a predição dos valores genéticos, ressaltando as vantagens excepcionais de se reunir em um único critério de seleção, os três atributos: produtividade, estabilidade e adaptabilidade.

#### 4.5.4 Predição de ganhos genéticos baseada nas análises conjuntas de locais, em função dos critérios e estratégias de seleção simulada, para dados não corrigidos e corrigidos

Os ganhos genéticos aditivos e genotípicos preditos para DAP, considerando as análises conjuntas de locais, em função dos critérios e estratégias de seleção simulada, com os respectivos números efetivos de famílias ou progênies e de indivíduos incluídos na seleção simulada, são apresentados na Tabela 9.

Levando-se em conta as duas estratégias de seleção simulada, ou seja, (i) a seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir duzentos indivíduos; e (ii) a seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, como era de se esperar, observa-se uma maior ou menor participação das procedências de sementes, na composição da População Seleccionada. A participação da procedência Ravenshoe-QLD, por exemplo, é predominante e varia de 53,50% a 62,00%, na seleção simulada dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, para produtividade considerando a estabilidade, a adaptabilidade e a estabilidade + adaptabilidade. Para a seleção simulada de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir duzentos indivíduos, a participação dessa mesma procedência de sementes decresce para valores compreendidos entre 35,50% e 42,00%, considerando as mesmas estratégias de seleção simulada (Tabela 9).

Mt. George-NSW é a segunda procedência, em termos de participação na composição da População Seleccionada, com valores variando de 24,00% a 41,00%, tanto para o caso da seleção simulando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, como a seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir os duzentos indivíduos, exceto para o caso do critério de produtividade considerando a adaptabilidade, em que sua participação alcança somente 5% do total entre as procedências, mostrando a sua baixa contribuição em termos

simultâneos de produtividade e adaptabilidade, aos locais testados (Tabela 9).

TABELA 9 - PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS PARA DAP, PELA ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS, EM FUNÇÃO DOS DIFERENTES CRITÉRIOS E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO SIMULADA

CRITÉRIO DE SELEÇÃO	ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO	% PARTICIPAÇÃO PROC. NAS FAMÍLIAS SELEC.				(N <sub>ef</sub> ) N.EF. FAM.	Nº INDIV. SELEC	GANHOS (%)	
		RAV	MAR	MGE	TOTAL			a	g
PRODU- TIVIDADE E ESTABI- LIDADE <b>(MHVG)</b>	MÁX. 5 IND/ FAM ATÉ ATINGIR OS 200 MELHORES	42,00	21,50	36,50	200	39,65	200	13,68	33,36
							50	37,13	55,44
							20	50,95	82,16
	200 IND. COM MAIOR VALOR GENÉTICO	62,00	14,00	24,00	200	31,00	200	24,33	29,36
							50	37,13	55,44
							20	50,95	82,16
PRODU- TIVIDADE E ADAPTA- BILIDADE <b>(PRVG)</b>	MÁX 5 IND/ FAM ATÉ ATINGIR OS 200 MELHORES	35,50	23,50	41,00	200	39,24	200	9,01	15,33
							50	14,59	20,05
							20	15,62	22,89
	200 IND. COM MAIOR VALOR GENÉTICO	58,00	37,00	5,00	200	16,00	200	13,50	17,10
							50	16,45	20,50
							20	17,31	22,40
PRODUTIVI- DADE, ES- TABILIDADE E ADAPTA- BILIDADE <b>(MHPRVG)</b>	MÁX. 5 IND/ FAM ATÉ ATINGIR OS 200 MELHORES	42,00	22,00	36,00	200	38,80	200	12,88	30,23
							50	33,09	51,85
							20	45,36	70,78
	200 IND. COM MAIOR VALOR GENÉTICO	53,50	13,50	33,00	200	31,00	200	22,74	30,44
							50	33,82	51,08
							20	45,36	70,78

PROC=procedências; RAV=Ravenshoe-QLD; MAR=Mareeba-QLD; MGE=Mt. George-NSW; N<sub>ef</sub>=Número efetivo de famílias selecionadas; a=efeito genético aditivo predito; g=efeito genotípico predito; MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG=média harmônica da performance dos valores genéticos.

A procedência Mareeba-QLD é a que apresenta a menor contribuição, tanto para o caso da simulação selecionando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, como a para a seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir duzentos indivíduos, mostrando valores variando de 13,50% a 23,50%, exceto para o caso da seleção simulando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, no critério produtividade e adaptabilidade, em que sua



contribuição (37,00%) é maior para aquelas características, comparativamente às outras procedências (Tabela 9).

No caso da simulação da seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, para produtividade, considerando tanto a estabilidade, a adaptabilidade ou a estabilidade e adaptabilidade, observam-se valores variando de 16,00 a 31,00, para o número efetivo de famílias, com o menor valor observado para o critério produtividade e adaptabilidade (16,00). A simulação de seleção envolvendo, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir os duzentos indivíduos, pelo fato de amostrar um maior número de famílias nos três testes, apresenta sempre maiores valores para o número efetivo de famílias ( $N_{ef}$ ), com valores variando de 38,80 a 39,65, comparativamente aos valores resultantes da estratégia simulando a seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, cujos valores variam de 16,00 a 31,00 (Tabela 9).

Quanto à predição de ganhos genéticos aditivos, pode-se esperar sempre maiores valores ou no mínimo iguais, para a simulação de seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, comparativamente aos resultados obtidos da simulação de seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir os duzentos indivíduos, em qualquer um dos três critérios de produtividade considerando a estabilidade e/ou adaptabilidade propostos (Tabela 9).

A opção de seleção dos vinte ou cinquenta indivíduos com os maiores valores genéticos é apresentada, para o estabelecimento de um pomar clonal de sementes, com distintos resultados de ganhos genéticos aditivos preditos. Estes valores são sempre maiores, na seguinte seqüência de critérios de seleção apresentados: produtividade e estabilidade (37,13% a 50,95%); produtividade, estabilidade e adaptabilidade (33,09% a 45,36%); produtividade e adaptabilidade (14,59% a 17,31%), para a seleção dos cinquenta ou vinte indivíduos de maior valor genético, respectivamente (Tabela 9).

O estabelecimento das duas estratégias de seleção individual oferece a possibilidade de se trabalhar com duas diferentes composições da População Selecionada, com distintos números efetivos de famílias, que conduzirão a ganhos genéticos diferenciados. A opção pela estratégia de seleção dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, dentro de qualquer um dos critérios propostos,

proporciona maiores ganhos genéticos aditivos (ou no mínimo igual), para o caráter DAP, considerando a análise conjunta de locais, quando comparada com a estratégia de seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir duzentos indivíduos (Tabela 9). Isto decorre do fato daquela estratégia selecionar sempre os indivíduos de maior valor genético das famílias de maior produtividade, considerando a análise conjunta de locais. Conseqüentemente, a estratégia referida resultará em uma População Seleccionada com um menor número efetivo de famílias (16,00 a 31,00). A opção pela estratégia de seleção de, no máximo, cinco indivíduos por família, até atingir duzentos indivíduos, por sua vez, dentro dos mesmos critérios estabelecidos, apesar de proporcionar menores ganhos genéticos aditivos, resultará numa População Seleccionada com um maior número efetivo de famílias (38,80 a 39,65), comparativamente à estratégia selecionando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos (Tabela 9).

O emprego de metodologia estabelecida pelos critérios propostos neste trabalho, por sua vez, permite a seleção de indivíduos com os maiores valores de produtividade, considerando simultaneamente os atributos de adaptabilidade e estabilidade genotípicas, propiciando inúmeras vantagens, quando comparada com outros métodos disponíveis, tais como o de Lin e Binns (1988) e o de Annicchiarico (1992). Tais critérios, combinados com as estratégias propostas, oferecem distintas opções de condução de seleção individual, para a composição da População Seleccionada e dos pomares de sementes idealizados, apresentando diferenciados ganhos genéticos. Dentro de cada critério proposto, as estratégias de seleção podem ser comparadas entre elas, em termos de ganhos genéticos preditos. Entretanto, para o caso de critérios de seleção, esses não devem ser comparados entre eles, em termos de ganhos genéticos preditos, pois estão baseados em características distintas (estabilidade, adaptabilidade e estabilidade + adaptabilidade). A opção pela seleção individual considerando o critério de produtividade, estabilidade e adaptabilidade (estatística da MHPRVG), por sua vez, trará a principal vantagem de considerar os três atributos de forma simultânea (Tabela 9), tornando-o mais completo dos critérios. Isto conduz a uma situação ideal para os indivíduos e famílias selecionadas, que devem apresentar adaptabilidade geral e previsibilidade alta, capazes de responder ao estímulo do ambiente e de

serem estáveis, mantendo um bom desempenho.

Os ordenamentos obtidos pelos critérios: apenas da produtividade (dados corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$ ); produtividade e estabilidade; produtividade e adaptabilidade; produtividade, estabilidade e adaptabilidade, por ordem decrescente, para as vinte famílias com os maiores valores de ganho genético, são fornecidos na Tabela 10, com o objetivo de permitir a comparação das distintas composições das famílias e mostrar o respectivo número de coincidências de famílias, para cada critério de seleção simulada.

A seleção simulada pela estatística da MHVG, com os dados das análises conjuntas de locais, resultou nas vinte famílias mais estáveis e produtivas, simultaneamente (Tabela 10), das quais 15 (75%) são comuns àquelas vinte famílias mais produtivas, listadas pelo critério apenas da produtividade (dados corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$ ). Neste caso, pode-se notar que as famílias 36, 34, 39, 26 e 11 (ausentes na seleção conduzida pelo critério apenas da produtividade) estão incluídas neste critério de seleção, por contribuírem com o seu caráter de maior estabilidade genotípica (Tabela 10).

A seleção simulada pela estatística da PRVG, com os dados das análises conjuntas de locais, cujas vinte famílias de maior produtividade e adaptabilidade, simultaneamente, são fornecidas na Tabela 10, produziu praticamente os mesmos resultados da seleção considerando apenas o critério de produtividade (dados corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$ ), com exceção feita à família 34, que foi incluída por este critério de seleção, por contribuir com o seu caráter de maior adaptabilidade, dentre as demais famílias testadas (Tabela 10).

A seleção simulada pela estatística da MHPRVG, com os dados das análises conjuntas de locais, resultou nas vinte famílias de maior produtividade, estabilidade e adaptabilidade, simultaneamente (Tabela 10), das quais 16 (80%) são comuns àquelas vinte famílias mais produtivas listadas pelo critério apenas da produtividade (dados corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$ ). Neste caso, pode-se notar a inclusão das quatro famílias: 36, 34, 39 e 13, por este critério, devido a sua maior contribuição para a estabilidade e adaptabilidade genotípicas.

TABELA 10 - ORDENAMENTOS DE FAMÍLIAS EM FUNÇÃO DOS CRITÉRIOS DE PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE GENOTÍPICAS, OBTIDOS DAS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS

ORDEM	FAMÍLIAS					
	PRODUTIVIDADE			PROD + ESTAB	PROD + ADAPT	PROD + EST + ADAP
	DADOS NÃO CORRIGIDOS	CORRIGIDOS $\hat{\sigma}_f$	CORRIGIDOS $h_i / h_{im}$	(MHVG)	(PRVG)	(MHPRVG)
1	29	29	29	29	29	29
2	14	1	14	1	1	1
3	1	14	1	41	14	41
4	2	2	2	2	2	2
5	41	41	41	16	41	42
6	8	8	8	42	8	14
7	28	28	28	38	25	32
8	25	25	25	32	28	38
9	42	42	42	25	10	16
10	10	24	10	14	16	25
11	24	16	24	52	42	<b>36</b>
12	16	10	16	<b>36</b>	24	<b>34</b>
13	17	32	17	<b>34</b>	17	45
14	9	45	9	45	32	52
15	32	17	32	44	45	10
16	45	9	45	10	9	<b>39</b>
17	31	38	31	<b>39</b>	44	8
18	44	44	44	<b>26</b>	52	44
19	38	52	38	<b>11</b>	38	<b>13</b>
20	52	11	52	17	<b>34</b>	28

PROD = produtividade; ADAPT = adaptabilidade; ESTAB = estabilidade; MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG=média harmônica da performance dos valores genéticos. Os números em negrito indicam as famílias que se destacaram em cada um dos critérios: estabilidade, adaptabilidade e estabilidade+adaptabilidade e que não estão presentes na relação das vinte primeiras famílias listadas pelo critério apenas da produtividade (dados corrigidos pela  $h_i / h_{im}$ )

Os ganhos genéticos e as novas médias para o caráter DAP, no estabelecimento de um Pomar de Sementes por Muda, pela estratégia selecionando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, considerando a análise conjunta de locais e os critérios de seleção propostos, são apresentados na Tabela 11.

A utilização dos duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos, com um número efetivo de famílias equivalente a 31,00, no estabelecimento de um Pomar de Sementes por Mudas ou da População Seleccionada ao programa de melhoramento da espécie, poderá propiciar ganhos entre 12,89% e 24,33%, para o caráter DAP, em relação à média experimental, dentre os critérios e estratégias de

seleção propostos neste estudo (Tabela 11 e Anexo 1).

TABELA 11 - GANHOS GENÉTICOS PREDITOS PARA DAP, NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR DE SEMENTES POR MUDAS DE *E. grandis*, COM OS DUZENTOS INDIVÍDUOS DE MAIOR VALOR GENÉTICO, CONSIDERANDO AS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS E OS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO

TIPOS DE DADOS E CRITÉRIOS	MÉDIA GERAL DAP (cm)	GANHO (%)	NOVA MÉDIA PARA DAP (cm)
NÃO CORRIGIDOS	12,9192	13,00	14,5987
CORRIGIDOS PELO $\hat{\sigma}_f$	13,1131	13,41	14,8716
CORRIGIDOS PELA $h_i / h_{im}$	13,0355	12,89	14,7158
CRITÉRIO PELA MHVG	11,2011	24,33	13,9263
CRITÉRIO PELA PRVG	13,6005	13,50	15,4366
CRITÉRIO PELA MHPRVG	13,7936	22,74	16,9303

MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG=média harmônica da performance dos valores genéticos;  $\hat{\sigma}_f$  = desvio padrão fenotípico;  $h_i / h_{im}$  = respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente *i*, e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

A seleção pelo critério da MHVG é a que propiciaria maiores valores de ganhos genéticos para produtividade e estabilidade associadas ao DAP (24,33%), seguidas pelas estatísticas da MHPRVG (22,74%), PRVG (13,50%) e a seleção considerando apenas a produtividade (12,89%), referente aos dados corrigidos pela razão  $h_i / h_{im}$ . A opção pela seleção de indivíduos considerando o critério da MHPRVG apresenta a vantagem adicional de considerar a estabilidade de famílias, aspecto relevante na formação da População Seleccionada ou População de Melhoramento e, portanto, deve ser preferida (Tabela 11).

Para dados com distribuição normal, as maiores discrepâncias entre a média aritmética e a média harmônica ocorrem quanto maiores forem os desvios padrões dos dados. De acordo com Resende (2002a), quanto maior o valor do desvio padrão, menor será o valor da média harmônica. Desta forma, a seleção pelos maiores valores de média harmônica implicaria na seleção também para homogeneidade das progênies.

Os resultados preditos para os efeitos genéticos aditivos e genotípicos, valor e ganho genéticos, nova média, tamanho efetivo populacional, para a População

Selecionada e Pomares de Sementes de *E. grandis*, considerando a análise conjunta de locais, dados de DAP corrigidos pela razão  $h_i/h_{im}$  e a estratégia selecionando os duzentos indivíduos com os maiores valores genéticos podem ser observados no Anexo 1.

Os ganhos genéticos preditos para DAP, no estabelecimento de um Pomar Clonal de Sementes, pela seleção simulada dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos, considerando a análise conjunta de locais, correção de dados e os critérios de seleção propostos, são apresentados na Tabela 12.

TABELA 12 - GANHOS GENÉTICOS PREDITOS PARA DAP, NO ESTABELECIMENTO DE UM POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PELA SELEÇÃO DOS VINTE INDIVÍDUOS DE MAIOR VALOR GENÉTICO, CONSIDERANDO AS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS E OS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO

TIPOS DE DADOS E CRITÉRIOS	MÉDIA GERAL DAP (cm)	GANHO (%)	NOVA MÉDIA PARA DAP (cm)
NÃO CORRIGIDOS	12,9192	17,18	15,1387
CORRIGIDOS PELO $\hat{\sigma}_f$	13,1131	16,99	15,3410
CORRIGIDOS PELA $h_i/h_{im}$	13,0355	17,18	15,2750
PELO CRITÉRIO MHVG	11,2011	50,95	16,9081
PELO CRITÉRIO PRVG	13,6005	17,31	15,9547
PELO CRITÉRIO MHPRVG	13,7936	45,36	20,0504

MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG= média harmônica da performance dos valores genéticos;  $\hat{\sigma}_f$  = desvio padrão fenotípico;  $h_i/h_{im}$  = respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente *i*, e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

A seleção dos vinte indivíduos com os maiores valores genéticos, para comporem um Pomar Clonal de Sementes, com base na análise conjunta de locais, com um número efetivo de famílias equivalente a 31,00, poderá propiciar ganhos entre 17,18% e 50,95%, para o caráter DAP, em relação à média experimental, dentre os critérios e estratégias de seleção propostos neste trabalho (Tabela 12).

A seleção empregando a estatística da MHVG também é aquela que propicia maiores valores de ganhos genéticos (50,95%) para DAP, seguidas pelas estatísticas da MHPRVG (45,36%), PRVG (17,31%) e a seleção considerando apenas a produtividade (17,18%), a qual refere-se aos dados corrigidos pela razão

$h_i / h_{im}$ . A seleção de indivíduos empregando a estatística da MHPRVG, embora propicie ganhos intermediários entre os demais critérios propostos, também deve ser preferida, pois considera adicionalmente a estabilidade genotípica das famílias, além dos atributos de adaptabilidade e produtividade, simultaneamente.

Os ganhos genotípicos preditos para DAP, no estabelecimento de um Jardim Clonal, pela seleção simulada dos vinte indivíduos com os maiores valores genotípicos, considerando a análise conjunta de locais e os diferentes critérios de seleção propostos, são apresentados na Tabela 13.

TABELA 13 - GANHOS GENOTÍPICOS PREDITOS PARA DAP, NO ESTABELECIMENTO DE UM JARDIM CLONAL DE *E. grandis*, PELA SELEÇÃO DOS VINTE INDIVÍDUOS DE MAIOR VALOR GENÉTICO, CONSIDERANDO AS ANÁLISES CONJUNTAS DE LOCAIS E OS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO

TIPOS DE DADOS E CRITÉRIOS	MÉDIA GERAL DAP (cm)	GANHO (%)	NOVA MÉDIA PARA DAP (cm)
NÃO CORRIGIDOS	12,9192	22,60	15,8389
CORRIGIDOS PELO $\hat{\sigma}_f$	13,1131	21,87	15,9809
CORRIGIDOS PELA $h_i / h_{im}$	13,0355	22,64	15,9867
CRITÉRIO PELA MHVG	11,2011	82,16	20,4039
CRITÉRIO PELA PRVG	13,6005	22,40	16,6470
CRITÉRIO PELA MHPRVG	13,7936	70,78	23,5567

MHVG=média harmônica dos valores genéticos; PRVG=performance relativa dos valores genéticos; MHPRVG=média harmônica da performance dos valores genéticos;  $\hat{\sigma}_f$ = desvio padrão fenotípico;  $h_i / h_{im}$ = respectivamente, a raiz quadrada da herdabilidade do caráter analisado no ambiente *i*, e médias das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente.

A instalação de um Jardim Clonal, como fonte de material para o estabelecimento de plantações clonais comerciais, considerando os vinte indivíduos com os maiores valores genotípicos, poderá propiciar ganhos entre 22,64% a 82,16%, para o caráter DAP, em relação à média experimental dos testes de progênes, dentre os critérios de seleção propostos neste trabalho. A partir das informações geradas pelo respectivo Teste Clonal, que indicaria os melhores genótipos dentre os vinte indivíduos com os maiores valores genotípicos, ganhos adicionais e superiores aos mencionados anteriormente podem ser obtidos, na propagação clonal deste material (Tabela 13 e Anexo 1).

Também neste caso, a seleção de indivíduos pela estatística da MHPRVG, apesar de proporcionar ganhos genéticos intermediários (70,78%) entre os critérios da MHVG (82,16%), seleção considerando apenas a produtividade (22,64%) e da PRVG (22,40%), deve ser preferida, pois leva em conta também a estabilidade genotípica das famílias, além dos atributos simultâneos da adaptabilidade e produtividade, conforme ressaltados anteriormente.



## 5 CONCLUSÕES

a) a correção de dados pela razão ( $h_i/h_{im}$ ) entre a raiz quadrada da herdabilidade no ambiente  $i$  e a média das raízes quadradas das herdabilidades em cada ambiente, a qual considera tanto a heterogeneidade de variância genética quanto a ambiental, foi 6% mais eficiente que a não correção de dados e 28% mais eficiente que a correção de dados proporcionada pelo desvio padrão fenotípico ( $\hat{\sigma}_f$ ), a qual considera apenas a heterogeneidade da variância fenotípica;

b) as estatísticas da Média Harmônica dos Valores Genéticos (MHVG), da Performance Relativa dos Valores Genéticos (PRVG) e da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos produziram bons resultados para as coincidências de famílias comuns e de indivíduos comuns nos ordenamentos gerados pelo procedimento REML/BLUP, por meio do programa computacional SELEGEN, podendo ser usadas vantajosamente no contexto dos modelos mistos, com efeitos genéticos aleatórios;

c) a adoção do critério baseado simultaneamente na produtividade, estabilidade e adaptabilidade (estatística da MHPRVG) traz a vantagem excepcional, por ponderar a informação em nível de família e indivíduo, de propiciar uma seleção otimizada de indivíduos que leva em conta a estabilidade e adaptabilidade de famílias;

d) com base nos valores obtidos de correlações genéticas entre os locais agrupados e locais pareados, o que indica uma baixa interação de progênies por locais, pode-se recomendar o estabelecimento de uma única População Seleccionada e um único Pomar Clonal de Sementes, para atender todos os três locais estudados, com significativa economia de investimentos;

e) a presença de significativa variabilidade genética observada no material estudado, expressada pela magnitude dos respectivos coeficientes de herdabilidade, para o caráter DAP, permitirá a composição de uma População Seleccionada com um Número Efetivo de Famílias adequado à seleção dos duzentos indivíduos com os

maiores valores genéticos;

f) a seleção dos vinte ou cinquenta indivíduos com os maiores valores genéticos, considerando os dados das análises conjuntas de locais, para o estabelecimento de Pomares Clonais de Sementes ou Jardim Clonal, poderá propiciar ganhos significativos para o caráter DAP, em relação à média experimental, levando-se em conta as estratégias e critérios propostos neste trabalho.

## REFERÊNCIAS

- ALLARD, E. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Bucher, 1971. 381 p.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**. V. 46, p. 269-278, 1992.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions - challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations**. FAO Plant Production and Protection Paper - 174. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome, 2002, 115 p.
- ASSIS, T. F. de. Aspectos do melhoramento de *Eucalyptus* para a obtenção de produtos sólidos da madeira. WORKSHOP: Técnicas de abate, processamento e utilização da madeira de eucalipto, Viçosa, 1999. p. 61-72.
- BEARDSELL, D. V., O'BRIEN, S. P.; WILLIAMS, E. G.; KNOX, R. B.; CALDER, D. M. Reproductive biology of Australian Myrtaceae. **Australian Journal of Botany**, n 41, p. 511-526. 1993.
- BECKER, H. C.; LEON, L. Stability analysis in plant breeding. **Plant Breeding**, v 101, n.1, p. 1-23, 1988.
- BERTOLUCCI, F.; REZENDE, G.; PENCHEL, R. Produção e utilização de híbridos de eucalipto. **Silvicultura**, v. 51, p. 12-16, 1995.
- BOLAND, D. J.; BROOKER, M. H. I.; CHIPPENDALE, G. M.; HALL, N.; HYLAND, B. P. M.; JOHNSTON, R. D.; KLEINIG, D. A.; TURMER, J. D. **Forest trees of Australia**. Melbourne: Nelson: CSIRO, 1984. 687 p.
- BOLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VLECK, L. D. van.; KACHMAN, S. D. **A manual for use of MTDFREML**: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances. Washington: ARS: USDA, 1993. 120 p.
- BRACELPA. **Informes anuais**: atuação setorial. Disponível em: <[http://www.bracelpa.org.br/informes\\_anuais/panorama\\_economico.htm](http://www.bracelpa.org.br/informes_anuais/panorama_economico.htm)>. Acesso em: 15 de maio de 2004.

BRASIL, E. M.; CHAVES, L. J. Utilización de un modelo cuadrático para el estudio de la respuesta de cultivares a la variación ambiental. In: CONGRESSO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA, 11., Monterrey, 1994. **Memorias**. Monterrey: Asociación Latinoamericana de Genética, 1994. p. 616.

BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118 f. Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Piracicaba.

BUENO FILHO, J. S. S. **Seleção combinada versus seleção seqüencial no melhoramento de populações florestais**. 1992. 96 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz", Piracicaba.

BUIJTENEN, J. P. van. Mating designs. In: IUFRO CONFERENCE ON ADVANCED GENERATION BREEDING, 1976, Bordeaux. **Proceedings...** Bordeaux: IUFRO, 1976. p. 11-27.

BUIJTENEN, J. P. van.; LOWE, W. J. The use of breeding groups in advanced generation breeding. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 15., 1979, Mississippi. **Proceedings...** Mississippi: SFTIC, 1979. p. 7-13.

BULMER, M. G. The effect of selection on genetic variability. **American Naturalist**, v. 105, p. 201-211, 1971.

BURDON, R. D. Genetic correlation as a concept for studying genotype-environment interaction in forest tree breeding, **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 26, n. 5-6, p. 168-175, 1977.

BURDON, R. D. Testing and selection: strategics and tactics for the future. In: IUFRO CONFERENCE ON BREEDING TROPICAL TREES, 1992, Cali. **Proceedings...** Raleigh: North Carolina State University, 1992. p. 249-260.

BURDON, R. D.; BUIJTENEN, J. P. van. Expected efficiencies of mating designs for reselection of parents. **Canadian Journal of Forestry Research**, v. 20, p. 1664-1671, 1990.

BURDON, R. D.; SHELBOURNE, C. J. A. Breeding populations for recurrent selection: conflicts and possible solutions. **New Zeland Journal of Forest Science**, v. 1, p. 174-193, 1971.

CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 182 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CARR, S. G. M.; CARR, D. J.; ROSS, F. L. Male flowers in eucalypts. **Australian Journal of Botany**, v. 19, p. 73-83, 1971.

CARRICK, M.; ENGLAND, D. P. The Merinotech structure and across-flock breeding value prediction. **Proceedings of Australian Society of Animal Production**, v. 8, p. 223-226, 1990.

CHAVES, L. J.; VENCovsky, L.; GERALDI, I. O. Modelo não linear aplicado ao estudo da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 24, n. 2, p. 259-269, 1989.

COCKERHAM, C. C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science, 1963. p. 53-93. (NAS-RNC n. 982).

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in population of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, n. 4, p. 254-266, 1948.

COSTA, C. N. Implicação da heterogeneidade de variância da produção de leite em rebanhos de bovinos da raça holandesa no Brasil. In: II SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 1998, Uberaba, MG. **Anais...** Uberaba, 1998. p. 397-400.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V. de; ARAUJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; HIGA, A. R. Selection and genetic gain in rubber tree (*Hevea*) populations using a mixed mating system. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 3, p. 671-679, 2000.

COTTERILL, P. P. The nucleus-breeding system. In: SOUTHERN FOREST TREE IMPROVEMENT CONFERENCE, 20., 1989, Charleston. **Proceedings...** Charleston: SFTIC, 1989. p. 26-30.

COTTERILL, P. P.; BROLIN, A. Improving Eucalyptus wood, pulp and paper quality by genetic selection. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. v. 1, p. 1-13.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A. **Successful tree breeding with index selection**. Melbourne: CSIRO, 1990. 80 p.

COTTERILL, P. P.; DEAN, C. A.; CAMERON, J.; BRINDBERGS, M. Nucleus breeding: a new strategy for rapid improvement under clonal forestry. In: IUFRO MEETING ON BREEDING TROPICAL TREES, 1989, Pattaya, Thailand. **Proceedings...** Pattaya: G. L. GIBSON, R. GRIFFIN and A. C. MATHESON (Eds), 1989. p. 1-15.

CROSSA, J. Statistical analysis of multi-location trials. **Advance in Agronomy**, v. 44, p. 55-85, 1990.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volume 2**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2003. 585 p.

CRUZ C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994. 390 p.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, p. 567-580, 1989.

DAVIDSON, J. Domestication and breeding programme for *Eucalyptus* in the Asia-Pacific region. UNDP/FAO Regional project on improved productivity of man-made forests through application of technological advances in tree breeding and propagation (FORTRIP), Los Baños, Philippines, January 1998: Ras/91/004, Field Document. n. 25, 1998.

DEL-BOSQUE-GONZALEZ, A. S.; KINGHORN, B. P. Consequences of genotype x environment interaction in group breeding schemes. In: MCGUIRK, B. J. (Ed.). **Merino Improvement Programs in Australia**. Melbourne: Australian Wool Corporation, 1987. p. 437-442.

DIAS, L. A.; KAGEYAMA, P. Y. Variação em espécies arbóreas e consequências para o melhoramento florestal. **Agrotrópica**, Itabuna, v. 3, n. 3, p. 119-127, 1991.

DICKERSON, G. E. Implications of genotype-environment interactions in animal breeding. **Animal Production**, Edinburg, v. 4, p. 47-63, 1962.

DIETERS, M. J. J. Genetic parameters for slash pine (*Pinus elliottii*) growth in southeast Queensland, Australia: growth, stem straightness and crown defects. **Forest Genetics**, v. 3, n.1, p. 27-36, 1996.

DIETERS, M. J. J.; WHITE, T. L.; HODGE, G. R. Genetic parameter estimates for volume from full-sib tests of slash pine (*Pinus elliottii*). **Canadian Journal of Forest Research**, Ottawa, v. 25, p. 1397-1408, 1995.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. **Interação genótipo x ambiente: uma introdução à análise "AMMI"**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. (Série Monográfica, 9).

DUDA, L. L. **Seleção genética de árvores de *Pinus taeda* L. na região de Arapoti, Paraná**. 2003. 50f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

DUDA, L. L.; RESENDE, M. D. V. de.; CANDIDO, H. C. S. Avaliação genética e seleção em *Eucalyptus grandis* na região de Arapoti-PR. **Revista Árvore**, v. 21, n. 4, p. 537-545, 1997

DUDLEY, J. W.; MOLL, R. H. Interpretation and use of estimation of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science**, v. 2, n. 3, p. 257-262, 1969.

EBERHART, S. A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. **African Soils**, v. 15, p. 669-672, 1979.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARWOOD, C.; WYCK, G. van. **Eucalypt domestication and breeding**. New York: Oxford University Press, 1994. 288 p.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Florestas. **Zoneamento ecológico para plantios florestais no Estado do Paraná**. Brasília: EMBRAPA-DDT, 1986. 89 p.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa Produção de Informação. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 1999, 421 p.

FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. **American Naturalist**, Chicago, v. 86, p. 293-298, 1952.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Longman: Harlow, 1996. 464 p.

FARIAS NETO, J. T. de; RESENDE, M. D. V. de. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes* L). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

FERNANDO, R. L.; KNIGHTS, S. A.; GIANOLA, D. On a method of estimating the genetic correlation between characters measured in different experimental units. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 67, p. 175-178, 1984.

FERREIRA, M.; ARAUJO, A. J. de. **Procedimentos e recomendações para testes de procedências**. Curitiba: EMBRAPA-URPFCS, 1981. 28 p. (EMBRAPA-URPFCS. Documentos, 6).

FERREIRA, M.; SANTOS, P. E. T. Melhoramento genético florestal de *Eucalyptus* no Brasil: breve histórico e perspectivas. In: IUFRO CONFERENCE ON

SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. v. 1, p. 14-34.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a Plant-Breeding Programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, p. 742-754, 1963.

FLORESTAR ESTATÍSTICO. São Paulo. Fundação Florestal, v. 6, n. 15, p. 40-67, 2003.

FLYNN, R. **Eucalyptus: Progress in higher value utilization - a global review**. R. Flynn & Associates and Economic Forestry Associates (eds). Washington, 1999. 212 p.

FONSECA, S. M. Estimação e interpretação dos componentes da variação total em experimentos de melhoramento florestal. In: CURSO DE EXTENSÃO UNIVERSITÁRIA: Práticas Experimentais em Silvicultura, 1979, Piracicaba. Piracicaba: IPEF, 1979. p. H1-H20.

FOX, P. N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype-environment interaction. In: KEMPTON, R. A.; FOX, P. N. (Ed.). **Statistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman & Hall, 1997. p. 117-138.

FOX, P. N.; ROSIELLE, A. A. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. **Euphytica**, 31, p. 645-656, 1982.

FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v. 29, p. 305-327, 1995.

FREIRE-MAIA, N. **Genética de populações humanas**. São Paulo: HUCITEC: EDUSP, 1974. 280 p.

GARRICK, D. G.; VLECK, L. D. van. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 65, p. 409-421, 1987.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed). Genotype by environment interaction. New York: CRC Press, 1996. 416 p.

GIANOLA, D. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 72, p. 671-677, 1986.

GONÇALVES, J. L. M.; COUTO, H. T. Z.; KAGEYAMA, P. Y.; DEMATTE, J. L. I. Interações genótipo-solo em sítios florestais de *Eucalyptus grandis* e *E. saligna*, em alguns solos de baixo potencial produtivo do estado de São Paulo. **IPEF**, Piracicaba, n. 43/44, p. 40-49, 1990.



GONZÁLEZ, E. R. et al. Transformação genética do eucalipto. **Biotecnologia, Ciência & Desenvolvimento**, v. 5, n. 26, p. 18-22, maio/jun., 2002.

GRASER, H. U.; SMITH, S. P.; TIER, B. A. A derivative free approach for estimating variance components in models by restricted maximum likelihood. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 64, n. 5, p. 1362-1370, 1987.

HAMRICK, J. L.; LOVELESS, M. D. Isozyme variation in tropical trees: procedures and preliminary results. **Biotropica**, New Orleans, v. 18, n. 3, p. 201-207, 1986.

HANSON, W. D. Distance statistics and interpretation of Southern states regional soybean tests. **Crop Science**, v. 34, n. 6, p. 1498-1504, 1994.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University Guelph, 1984. 439 p.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH, Champaign, 1973. **Proceedings...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

HIGA, A. R.; RESENDE, M. D. V. de; KODAMA, A. S.; LAVORANTI, O. J. Programa de melhoramento de eucalipto na Embrapa. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA-CNPq, 1997. v. 1, p. 377-385.

HIGA, A. R.; RESENDE, M. D. V. de, LAVORANTI, O. J. **Projeto melhoramento genético e conservação de *Eucalyptus***. Colombo: EMBRAPA-CNPq, 1993. 700 p. Relatório não publicado.

HIGA, A. R.; RESENDE, M. D. V. de; SOUZA, S. M. de. Programa de melhoramento genético de *Eucalyptus* no Brasil. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL, 1991, Curitiba. **O Desafio das Florestas Neotropicais**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná; Freiburg: Universidade Albert Ludwig, 1991. p. 86-100.

HILL, M. O. Correspondence analysis: a neglected multivariate method. **Applied Statistics**, v. 23, n. 2, p. 340-354, 1974.

HILL, W. G. On selection among groups with heterogeneous variance. **Animal Production**, v. 39, n. 3, p. 473-477, 1984.

HODGE, G. R.; DVORAK, W. S. Genetic parameters and provenance variation of *Pinus tecunumanii* in 78 international trials. **Forest Genetics**, Zvolen, v. 6, n. 3, p. 157-180, 1999.

HODGSON, L. M. Some aspects of flowering and reproductive behavior in *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden at J. D. M. Keet Forest Research Station: III. Relative yield, breeding systems, barriers to selfing and general conclusions. **South African Forestry Journal**. n. 99: p. 53-58. 1976.

HUBER, D. A.; WHITE, T. L.; HODGE, G. R. The efficiency of half-sib, half diallel and circular mating designs in the estimation of genetic parameters in forestry: a simulation. **Forest Science**, v. 38, n. 4, p. 757-776, 1992.

HUEHN, M. Nonparametric analysis of genotype x environment interactions by ranks. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton: CRC Press, 1996. p.235-270.

JAMES, J. W. Design of animal breeding programs. In: HILL, W. G.; MACKAY, T. (Ed.). **Evolution and animal breeding**. Wallingford: CAB International, p. 189-194, 1989.

JOHNSON, D. L.; THOMPSON, R. Restricted maximum likelihood estimation of variance components for univariate animal models using sparse matrix techniques and average informatin. **Journal of Dairy Science**, v. 78, p. 449-456, 1995.

JOHNSON, G. R. Site-to-site genetic correlation and their implications on breeding zone size and optimal number of progeny tests sites for coast Douglas-fir. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 46, p. 280-285, 1997.

JOHNSON, G. R.; BURDON, R. D. Family-site interaction in *Pinus radiata*: implications for progeny testing strategy and regionalized breeding in New Zeland. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 39, p. 55-62, 1990.

KAGEYAMA, P. Y. **Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1980. 125 f. Dissertação (Mestrado em Genética), Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

KAGEYAMA, P. Y. **Seleção precoce a diferentes idades de progênes de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden**. 1983. 147 f. Tese (Livre Docência em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

KAGEYAMA, P. Y.; DIAS, I. S.. Aplicación de conceptos genéticos a espécies florestais nativas en Brasil. **Información sobre Recursos Genéticos Forestales**, Roma, v. 13, p. 2-10, 1985.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCovsky, R. **Determinação de parâmetros genéticos em espécies florestais**. Piracicaba. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1979. 40 p. Apostila de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Tópicos Especiais de Genética.

KAGEYAMA, P. Y.; VENCovsky, R. Variação genética em progênes de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. **IPEF**, Piracicaba, v. 24, p. 9-26, 1983.

KANASHIRO, M. Genética e melhoramento de essências florestais nativas: aspectos conceituais e práticos. In: CONGRESSO NACIONAL SOBRE ESSÊNCIAS

NATIVAS, 2., 1992, São Paulo. **Anais...** São Paulo, 1992, p. 1168-1178.

KENNEDY, B. W.; SORENSEN, D. A. Properties of mixed model methods for prediction of genetic merit under different genetic models in selected and nonselected populations. In: WEIR, B. et al. (Ed.). Second International Conference on Quantitative Genetics, Raleigh, 1988. **Proceedings...** Raleigh: North Carolina State University, 1988. p. 47-56.

KIKUTI, P. **Parâmetros genéticos em progênes de meios irmãos e clonais numa população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden na região de Telêmaco Borba - PR.** 199 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

LAVORANTI, O. J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "bootstrap" no modelo AMMI.** 2003. 166 f. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, p. 193-198, 1988.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEVKOVITCH, L. P. Stability analysis where do we stand. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 5, p. 894-900, 1986.

LÓPEZ, C. R.; FORNÉS, L. F. Estabilidade genética em progênes de *Eucalyptus grandis* (Hill) ex Maiden. In: IUFRO CONFERENCE ON SILVICULTURE AND IMPROVEMENT OF EUCALYPTUS, 1997, Salvador. **Proceedings...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. v. 1, p. 163-168.

LUSH, J. L. **Animal breeding plans.** Ames: Iowa State University Press, 1945. 443 p.

LUSH, J. L. Chance as a cause of gene frequency within pure breeds of livestock **American Naturalist**, v. 80, p. 318-342, 1946.

MAGARI, R.; KANG, M. S. SAS STABLE: stability analysis of balanced and unbalanced data. **Agronomy Journal**, v. 89, n. 5, p. 929-932, 1997.

MARION, A. E.; RORATO, P. R. N.; FERREIRA, G. B.; EVERLING, D. M. F.; FERNANDES, H. D. Estudo da heterogeneidade das variâncias para as características produtivas de rebanhos da raça holandesa no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 6, supl. 0, Viçosa, nov/dez 2001.

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. A review of provenances x environmental interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **The Commonwealth Review**, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986.

MATHESON, A. C.; RAYMOND, C. A. Provenance x environment interaction: its detection, practical importance and use with particular reference to tropical forestry. In: BARNES, R. D.; GIBSON, G. L. (Ed). **Genetic improvement strategies in tropical forest trees**. Mutare: IUFRO, 1984. p. 81-117.

MAURO, A. O. **Adaptabilidade, estabilidade e ganho genético com o processo seletivo em soja (*Glycine max* L.) em Ponta Porã, Mato Grosso do Sul**. 1991. 192 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

MEYER, K. **DFREML – Version 3.0**: user notes. Armidale: Institute of Animal Genetics of Edinburgh: Animal Genetics and Breeding. Unit, University of New England. 1998. 31 p.

MORA, A. L. **Aumento da produção de sementes geneticamente melhoradas de *Acacia mearnsii* De Wild. (Acácia-negra) no Rio Grande do Sul**. 2002. 140 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Setor de Ciências Agrárias - Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

MORAES, M. L. T. **Variação genética da densidade básica da madeira em progênes de *Eucalyptus grandis* Hill ex. Maiden e suas relações com as características de crescimento**. 1987. 129 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba.

MORAN, G. F.; BELL, J. C. *Eucalypts*. In: TANSLEY, D. S.; ORTON, T. J. (Ed.). **Isoenzymes in plant genetics and breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1983. Part B, p. 423-441.

MORI, E. S.; LELLO, L. R. B.; KAGEYAMA, P. Y. Efeito da interação genótipo x ambiente em progênes de *Eucalyptus saligna* Smith. **IPEF**, Piracicaba, n. 33, p. 19-25, 1986.

NAMKOONG, G. **Introduction to quantitative genetics in forestry**. Washington: USDA. Forest Service, 1979. 342 p. (USDA. For. Serv. Tech. Bull. 1588).

NAMKOONG, G.; BARNES, R. D.; BURLEY, J. **A philosophy of breeding strategy for tropical tree**. Oxford: Commonwealth Forestry Institute, 1980. 67 p. (Tropical Forestry Paper, 16).

NICOLLE, D. Temperate area eucalypts. Paper presented at the ASGAP 19th Biennial Seminar which was held at Annesley College, Adelaide, 30 September to 3 October 1997. **Internet**. Disponível em: <http://farrer.riv.csu.edu.au/ASGAP/APOL28/dec02-5.html>. Acesso em 19 de maio de 2004.

ODA, S.; MENCK, A. L. M.; VENCOSKY, R. Problemas no melhoramento clássico de eucalipto em função da alta intensidade de seleção. **IPEF**, Piracicaba, v. 41/42, p. 8-17, 1989.

OLIVEIRA, V. R. de; RESENDE, M. D. V. de; NASCIMENTO, C. E. de S.; DRUMOND, M. A.; SANTOS, C. A. F. Variabilidade genética de procedências e progênies de umbuzeiro via metodologia de modelos lineares mistos (REML/BLUP). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jabotocabal-SP, v. 26, n.1, p. 53-56, 2004.

PAIVA, R. de; RESENDE, M. D. V. de; CORDEIRO, E. R. Índice multi-efeitos e estimativas de parâmetros genéticos em aceroleira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v. 37, n. 2, p. 381-388, jun. 2002.

PALUDZYSZYN FILHO, E. **Eficiência da seleção precoce em *Pinus taeda* L. por método retrospectivo**. 2000. 93 f. Tese (Doutorado em Genética) – Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, London, v. 58, p. 545-554, 1971.

PAULA, R. C. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. 1997. 74 f. Tese (Doutorado em Ciência Florestal) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R. Limites de seleção recorrente. I. Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 23, p. 769-780, 1988.

PERKINS, J. M.; JINKS, J.L. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. **Heredity**, v. 23, n. 3, p. 339-356, 1968.

PHILLIPS, M. A.; BROWN, A. H. D. (1977). Mating system and hybridity in *Eucalyptus pauciflora*. **Australian Journal of Biology Science**. n. 30: p. 337-344, 1977

PIRES, I. E.; CRUZ, C. D.; BORGES, R. C. G.; REGAZZI, A. J. Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, v. 20, n. 2, p. 191-97, 1996.

PLAISTED, R. L., PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selection to yield consistently in different locations or seasons. **American Potato Journal**, v. 36, n. 6, p. 381-5, 1959.

PONZONI, R. W. **Objetivos y criterios de selección en lanares**. In: I SEMINARIO DE MEJORAMIENTO GENETICO EN LANARES, Montevideo: Secretariado Uruguayo de la Lana: Cone Sur, 1986. p. 79-94. (Ovinos e Lanas, Boletín Técnico, 15).

PRYOR, L. D. Selecting and breeding for cold resistance in *Eucalyptus*. **Silvae Genetica**, v. 6, p. 98-109, 1957.

PRYOR, L. D. **The biology of eucalypts**. London: Edward Arnold, 1976. 82 p.  
PSWARAYI, I. Z.; BARNES, R. D.; BIRKS, J. S.; KANOWSKI, P. J. Genotype-environment interaction in a population of *Pinus elliottii* Engelm. var. *Elliottii*. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 46, p. 35-40, 1997.

PURBA A. R.; FLORI, A.; BAUDOUIN, L., HAMON, S. Prediction of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) agronomic performances using the best linear unbiased predictor (BLUP). **Theoretical and Applied Genetics**, n. 101, p. 787-792, 2001.

QUINTIN, K. **2001 Quensland Term Wildlife Field Guide: Eucalyptus grandis** (Flooded gum). Disponível em: <<http://people.hws.edu/fieldguide/delete.asp?ID=120&dlete=no>>. Acesso em: 24 de maio de 2004.

RAMALHO, M. A. P. Emprego da seleção recorrente no melhoramento de essências florestais. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE PESQUISA FLORESTAL, 1., Belo Horizonte, 1993. **Anais...** Belo Horizonte: SIF, 1993. p. 21-37.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RAMOS, A. A., VALENCIA, E. F. T., WECHSLER, F. S. *et al.* Heterogeneidade da variância das características produtivas de bovinos da raça Holandesa nos trópicos. I-Estratificação por nível de produção de rebanho. In: XXXIII REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 1996, Fortaleza, CE, **Anais...** Fortaleza, 1996: p. 71-73.

RAWLINGS, J. O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finites populations: choice of population size. In: MEETING OF WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1970, New Orleans. **Proceedings...** New Orleans: USDA. Forest Service, Southern Forest Experiment Station, 1970. p. 1-15.

REDDY, K. V.; ROCKWOOD, D. L. Breeding strategies for coppice production in a *Eucalyptus grandis* base population with four generation of selection. **Silvae Genetica**, v. 38, p. 148-151, 1989.

RESENDE, M. D. V. de. Correções nas expressões do progresso genético em função da amostragem finita dentro de famílias e populações e implicações no melhoramento florestal. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 22/23, p. 61-77, 1991.

RESENDE, M. D. V. de. Seleção precoce no melhoramento genético florestal. In: WORKSHOP SIF/UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA: Métodos de Seleção, 1., 1994, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: Sociedade de Investigações Florestais, 1994. p. 58-73.

RESENDE, M. D. V. de. Avanços da biométrica florestal. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 1997, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1997a. p. 20-46

RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento genético de essências florestais. In: SANTOS, J. B. SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS. Universidade Federal de Lavras, 1997b, p. 59-93.

RESENDE, M. D. V. de. Melhoramento de essências florestais. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999a. p. 589-648.

RESENDE, M. D. V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999b. 434 f. Tese (Doutorado em Genética) - Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

RESENDE, M. D. V. de. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002a. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002b. 67 p. (Embrapa Florestas, Documentos 77).

RESENDE, M. D. V. de. **Novas abordagens estatísticas na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 60 p. (Embrapa Florestas Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. de.; ARAUJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B.; WIECHETECK, A. S. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 24, n. 1/2, p. 35-45, 1995b.

RESENDE, M. D. V. de; BERTOLUCCI, F. L. G. Maximization of genetic gain with restriction on effective population size and inbreeding in *Eucalyptus grandis*. In: IUFRO CONFERENCE "EUCALYPT PLANTATIONS: Improving Fibre and Quality", 1995, Hobart. **Proceedings...** Hobart: IUFRO-CRCTHF, 1995. p. 167-170.

RESENDE, M. D. V. de. DIAS, L. A. S. Aplicação de metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M. D. V. de; FERNANDES, J. C. S. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.

RESENDE, M. D. V. de, FURLANI JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Estimação de parâmetros genéticos no melhoramento de *Eucalyptus*: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Predição de valores genéticos no melhoramento de *Eucalyptus* - Melhor predição linear. In: CONGRESSO FLORESTAL PANAMERICANO, 1.; CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 7., 1993, Curitiba. **Floresta para o Desenvolvimento: Política, Ambiente, Tecnologia e Mercado: Anais...** São Paulo: SBS; [S.I.]: SBEF, 1993. v. 1, p. 144-147.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R.; LAVORANTI, O. J. Regressão geno-fenotípica multivariada e maximização do progresso genético em programas de melhoramento de *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 57-71, 1994b.

RESENDE, M. D. V. de; MORAES, M. L. T.; PAIVA, J. R. Comparação de métodos de avaliação genética e seleção no melhoramento da seringueira. **Floresta**. Curitiba, v. 26, n. 1/2, p.25-47, 1996a.

RESENDE, M. D. V. de.; OLIVEIRA, E. B. de.; HIGA, A. R. Utilização de índices de seleção no melhoramento do *Eucalyptus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 21, p. 1-13, 1990.

RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, E. B. de; MELINSKI, L. C.; GOULART, F. S.; OAIDA, G. R. **SELEGEN – Seleção Genética Computadorizada**: manual do usuário. Colombo: EMBRAPA - CNPF, 1994c. 31 p.

RESENDE, M. D. V. de; PRATES, D. F.; JESUS A. de; YAMADA, C. K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, v. 32/33, p. 3-22, 1996b.

RESENDE, M. D. V. de; ROSA-PEREZ, J. R. H. **Genética quantitativa e estatística no melhoramento animal**. Curitiba: Imprensa Universitária, 1999a. 496 p.



RESENDE, M. D. V. de.; ROSA-PEREZ, J. R. H. Melhoramento animal: predição de valores genéticos pelo modelo animal (BLUP) em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. **Archives of Veterinary Science**, v. 4, n. 1, p. 17-30, 1999b.

RESENDE, M. D. V. de.; STURION, J. A.; CARVALHO, A. P. de.; SIMEÃO, R. M.; FERNANDES, J. S. C. **Programa de melhoramento da erva-mate coordenado pela Embrapa: resultados da avaliação genética de populações, progênes, indivíduos e clones**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 66 p. (Embrapa Florestas. Circular Técnica, 43).

RESENDE, M. D. V. de.; STURION, J. A.; MENDES, S. **Genética e melhoramento da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.)**. Curitiba: EMBRAPA-CNPQ, 1995a. 33 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 25).

RESENDE, M. D. V. de.; STURION, J. A.; SIMEÃO, R. M. Estratégias para o melhoramento genético de erva-mate. In: CONGRESSO SUL-AMERICANO DA ERVA-MATE, 1.; REUNIÃO TÉCNICA DO CONE SUL SOBRE A CULTURA DA ERVA-MATE, 2, 1997, Curitiba. **Anais...** Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1997. p. 243-266.

RESENDE, M. D. V. de.; VENCOSKY, R. Condução e utilização de bancos de conservação genética de espécies de eucalipto. In: CONGRESSO FLORESTAL BRASILEIRO, 6., 1990, Campos do Jordão. **Anais...** São Paulo: Sociedade Brasileira de Silvicultura, 1990. p. 434-439.

RESENDE, R. M. S. **Avaliação genética de populações e progênes de erva-mate (*Ilex paraguariensis* Saint Hilaire), em três locais no estado do Paraná**. 2001. 126 f. Tese (Doutorado em Genética) - Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

ROBERTSON, A. Experimental design in the evaluation of genetic parameters. **Biometrics**, Washington, v. 15, p. 219-226, 1959.

ROBERTSON, A. Inbreeding in artificial selection programmes. **Genetical Research**, Cambridge, v. 2, p. 189-194, 1961.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parametros genéticos. **Fitotecnica Latino Americana**, v. 2, p. 23-38, 1965.

RODRIGUEZ, L. C. E. (Coord.). Melhoramento e conservação genética. In: CIÊNCIA E TECNOLOGIA NO SETOR FLORESTAL BRASILEIRO: diagnóstico, prioridades e modelo de financiamento. Brasília: Ministério de Ciência e Tecnologia, 2002. 187 p. **IPEF on line**. Disponível em: <<http://www.ipef.br/mct>>. 8. Anexos: C Melhoramento e Conservação Genética. Acesso em: 18 de maio de 2004.

ROMAGOSA, I.; FOX, P. N. Genotype x environment interaction and adaptation. In: HAYWARD, M. D.; BOSEMARK, N. O.; ROMAGOSA, I. **Plant breeding: principles and prospects**. London: Chapman & Hall, 1993. p. 375-390.

ROSSE, L. N.; VENCovsky, R. Modelo de regressão não-linear aplicado ao estudo da estabilidade fenotípica de genótipos de feijão no Estado do Paraná. **Bragantia**, v. 59, n. 1, p. 99-107, 2000.

ROXO, C. A. **Proposta de agenda do setor brasileiro de florestas plantadas**. Palestra apresentada no Seminário “A Questão Florestal e o Desenvolvimento”, Brasília, 8 de julho de 2003.

SCAPIM, C. A.; OLIVEIRA, V. R.; BRACCINI, A. DE L.; CRUZ, C. D.; ANDRADE, C. A. de B.; VIDIGAL, M. C. G. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. **Genetic and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 387-393, 2000.

SCHAEFFER, L. R. **Linear Models**. P.1-8, 1999. **Internet**. Disponível em <http://aps.uoguelph.ca/~lrs/animalz/lesson8/>. Acesso em 12 de maio de 1999.

SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. **Variance components**. New York: J. Wiley, 1992. 528 p.

SHEPHERD, R. K. General genetics and inheritance. In: INTERNAL TRAINING COURSE IN FOREST TREE BREEDING, 1977, Camberra. **Selected reference papers**. Canberra: Australian Development Assistance Agency, 1977. p. 43-59.

SHEPHERD, R. K. Three-tier open nucleus breeding schemes. **Animal Science**, v. 65, p. 321-324, 1997.

SHEPHERD, R. K.; KINGHORN, B. P. Optimizing multi-tier open nucleus breeding schemes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 85, p. 372-378, 1992.

SHIMIZU, J. Y., KAGEYAMA, P. Y.; HIGA, A. R. **Procedimentos e recomendações para estudos de progênies de essências florestais**. Colombo: EMBRAPA-URPFCS, 1982. 33 p. (EMBRAPA-URPFCS. Documentos, 11).

SHUKLA, G. K. Some statistical aspects of partitioning genotype-environment components of variability. **Heredity**, v. 29, n. 2, p. 237-245, 1972.

SILVA, J. de C. **Vantagens comparativas e competitivas da madeira de eucalipto**. 2003. Disponível em: <<http://www.amda.org.br/downloads/21SILVA.doc>>. Acesso em: 21 de maio 2004.

SILVA, J. G. C. Análise da adaptabilidade por regressão segmentada com estimação da junção dos segmentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 7, p. 1013-1029, 1998.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA

APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1., 1985, Campinas. **Resumos...** Campinas: Fundação Cargil, 1985, p. 49-50.

SNEDDEN, C. L.; VERRY, S.; ROUX, C. Z. Broad and narrow sense heritabilities in a cloned open pollination *Eucalyptus grandis* breeding population. In: **FOREST GENETICS FOR THE NEXT MILLENIUM**, Durban, 2000. **Proceedings...** Scottsville: Institute for Commercial Forestry Research, 2000. p. 214-220.

SOUZA, A. G. C.; RESENDE, M. D. V. de; SOUZA, N. R. The cupuaçu genetic improvement of Embrapa Amazônia Ocidental. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, n.3, p. 471-478, 2002.

STONECYPHER, R. W.; ZOBEL, B. L.; BLAIR, R. **Inheritance patterns of loblolly pines from a nonselected natural population**. Raleigh: North Carolina Agricultural Experiment Station: North Carolina State University, 1973. 60 p. (Tech. Bul., 220).

STORCK, L.; VENCovsky, R. Stability analysis on a bi-segmented discontinuous model with measurement errors in the variables. **Revista Brasileira de Genética**, v. 17, n. 1, p. 75-81, 1994.

STREINER, D. L. Do you see what I mean?: indices of central tendency. **Canadian Journal of Psychiatry**, v. 45, n. 9, p. 833-836, 2000.

STURION, J. A. **Variação genética de características de crescimento e de qualidade da madeira em progênies de *Eucalyptus viminalis* LABILL.** 1993. 112 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) – Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de; CARPANEZZI, A. A.; ZANON, A. Variação genética e seleção para características de crescimento em teste de progênies de *Mimosa scabrella* var. *aspericarpa*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 28/29, p. 73-83, 1994.

TAI, G. C. C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, v. 11, n. 2, p. 184-90, 1971.

TEIXEIRA, N. M.; FREITAS, A. F. de; FERREIRA, W. J.; DURÃES, M. C.; BARRA, R. B. Ajustamento para heterogeneidade de variância da produção de leite de vacas da raça holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 1, supl. 0, Viçosa, jan/fev 2002.

TODA, R. Heritability problems in forest genetics. In: IUFRO GENET SABAO JOINT SYMPOSIA. Tokyo, 1972. **Annales...** Tokyo: IUFRO, 1972. p. 1-9.

TOLER, J. E.; BURROWS, P. M. Genotypic performance over environmental arrays: a non-linear grouping protocol. **Journal of Applied Statistics**, v. 25, n. 1, p. 131-143, 1998.

TOMASELLI, I. Processing young Eucalyptus. In: THE FUTURE OF EUCALYPTS FOR WOOD PRODUCTS, 2000, Launceston, Tasmania. **Proceedings...** Launceston: IUFRO, 2000. p. 167-174.

VENKATESH, C. S.; ARYA, R. S.; SHARMA, V. K. Natural selfing in planted *Eucalyptus* and its estimation. **Journal of Plant Crops**, v. 1, p. 23-25, 1973.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. (Coord.). **Melhoramento e genética**. São Paulo: Melhoramentos, 1969. p. 17-37.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento de milho no Brasil**. Piracicaba, Fundação Cargil, 1978. p. 122-201.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression on analysis a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 53, p. 89-91, 1978.

VLECK, L. D. van.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the Animal Sciences**. New York: W. H. Freeman, 1987. 391 p.

WAUGH, G. Sawing of young fast-grow eucalypts. In: SEMINÁRIO INTERNACIONAL SOBRE PRODUTOS SÓLIDOS DE MADEIRA DE ALTA TECNOLOGIA, 1 e ENCONTRO SOBRE TECNOLOGIAS APROPRIADAS DE DESDOBRO, SECAGEM E UTILIZAÇÃO DA MADEIRA DE EUCALIPTO, 1: anais. Belo Horizonte. 1998. p. 69-81.

WEIGEL, K. A.; GIANOLA, D. Estimation of heterogeneous within-herd variance components using empirical Bayes methods: a simulation study. **Journal of Dairy Science**, v. 75, n. 10, p. 2824-2833. 1992.

WERF, J. H. J. van der.; MEUWISSEN, T. H. E.; JONG, G. Effects of correction for heterogeneity of variance on bias and accuracy of breeding value estimation for Dutch dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 10, p. 3174-3184, 1994.

WESTCOTT, B. A method of assessing the yield stability of crop genotypes. **Journal of Agricultural Sciences**, v. 108, n. 2, p. 267-274, 1987.

WHITE, T. L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. Dordrecht: Kluwer Academic Pub., 1989. 367 p. (Forestry Sciences, 33).

WHITE, T. L. HODGE, G. R.; POWEL, G. L. An advanced generation tree improvement plan for slash pine in Southern United States. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 42, n. 6, p. 359-371, 1993.

WIGGANS, G. H.; RADEN, P. M. van. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 2, p. 4350-4357, 1991.

WILLIAMS, E. R.; MATHESON, A. C. **Experimental design and analysis for use in tree improvement**. Melbourne: CSIRO, 1995. 174 p.

WRICKE, G. Über eine methode zur erfassung der Okologischen streubreite in feldversuchen. **Zeitschrift für Pflanzenzüchtung**, v. 47, n. I, p. 92-96, 1962.

WRICKE, G.; WEBER, E. W. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin: Walter de Gruyter, 1986. 406 p.

WRIGHT, J. W.; PAULEY, S. S.; POLK, R. B.; JOKELA, J. J. Performance of Scotch pine varieties in north central region. **Silvae Genetica**, v. 15, p. 101-110, 1966

XAVIER, A. **Aplicação de análise multivariada da divergência genética no melhoramento de *Eucalyptus* spp.** 1996. 126 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

YAMADA, Y. Genotype by environment interaction and genetic correlation of the same trait under different environments. **Japanese Journal of Genetics**, Kyoto, v. 37, p. 498-509, 1962.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of groups of experiments. **The Journal of Agricultural Science**, v. 28, n. 4, p. 556-580, 1938.

YAU, S. K. Need of scale transformation in cluster analysis of genotypes based on multi-location yield data. **Journal of Genetic and Breeding**, n. 45, p. 71-76, 1991.

ZOBEL, B.; TALBERT, J. **Applied forest tree improvement**. New York, J. Wiley, 1984. 505 p.

## **ANEXOS**

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
1	15,58	8	29	6	26,39	2,55	2,55	15,58	1,00	0,79	3,34
2	15,53	7	14	1	27,97	2,50	2,52	15,56	2,00	0,92	3,42
3	15,47	1	29	1	24,80	2,43	2,49	15,53	2,48	0,72	3,15
4	15,38	7	29	6	25,33	2,34	2,46	15,49	2,67	0,66	3,00
5	15,36	6	28	1	29,02	2,32	2,43	15,46	3,66	1,08	3,40
6	15,32	10	29	4	24,27	2,28	2,40	15,44	3,69	0,62	2,90
7	15,30	6	29	4	24,80	2,27	2,38	15,42	3,67	0,61	2,88
8	15,29	8	14	1	26,39	2,25	2,37	15,40	4,39	0,76	3,01
9	15,28	6	1	1	26,39	2,25	2,35	15,39	5,26	0,79	3,04
10	15,25	5	14	5	25,33	2,21	2,34	15,38	5,74	0,73	2,95
11	15,21	8	28	1	28,50	2,18	2,33	15,36	6,46	0,99	3,17
12	15,21	5	2	1	26,39	2,17	2,31	15,35	7,31	0,79	2,97
13	15,21	9	14	2	26,39	2,17	2,30	15,34	7,57	0,71	2,88
14	15,21	9	14	5	26,39	2,17	2,29	15,33	7,67	0,71	2,88
15	15,17	6	29	2	23,75	2,13	2,28	15,32	7,66	0,52	2,65
16	15,16	16	29	1	19,35	2,12	2,27	15,31	7,57	0,51	2,63
17	15,15	1	29	3	22,69	2,12	2,26	15,30	7,44	0,51	2,62
18	15,15	1	29	6	22,69	2,12	2,25	15,29	7,29	0,51	2,62
19	15,13	4	14	2	24,80	2,10	2,25	15,28	7,49	0,66	2,76
20	15,12	5	1	6	25,33	2,08	2,24	15,27	8,10	0,68	2,76
21	15,11	2	14	5	24,27	2,08	2,23	15,27	8,22	0,64	2,72
22	15,08	1	29	4	22,16	2,05	2,22	15,26	8,09	0,46	2,51
23	15,07	4	14	5	24,27	2,03	2,21	15,25	8,18	0,61	2,64
24	15,02	3	14	1	23,75	1,99	2,20	15,24	8,21	0,58	2,57

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
25	15,01	22	29	5	16,69	1,98	2,20	15,23	8,13	0,41	2,39
26	14,96	8	18	4	30,61	1,93	2,18	15,22	8,73	1,25	3,18
27	14,96	10	28	3	26,39	1,92	2,18	15,21	9,20	0,82	2,74
28	14,96	6	29	5	22,16	1,92	2,17	15,20	9,07	0,38	2,30
29	14,96	4	29	4	21,11	1,92	2,16	15,19	8,92	0,38	2,30
30	14,96	17	29	6	17,91	1,92	2,15	15,19	8,77	0,38	2,30
31	14,95	5	29	4	22,16	1,92	2,14	15,18	8,62	0,37	2,29
32	14,95	5	29	5	22,16	1,92	2,14	15,17	8,46	0,37	2,29
33	14,94	2	28	1	26,39	1,91	2,13	15,16	8,83	0,81	2,71
34	14,93	2	29	5	21,11	1,89	2,12	15,16	8,66	0,36	2,25
35	14,93	4	29	1	21,64	1,89	2,11	15,15	8,50	0,36	2,25
36	14,91	15	29	1	17,81	1,88	2,11	15,14	8,34	0,35	2,23
37	14,90	8	10	5	27,44	1,87	2,10	15,14	8,82	0,93	2,80
38	14,89	8	29	3	21,11	1,86	2,10	15,13	8,65	0,33	2,19
39	14,89	8	14	3	23,22	1,85	2,09	15,12	8,81	0,49	2,35
40	14,88	9	1	4	23,75	1,85	2,08	15,12	9,17	0,52	2,37
41	14,88	17	29	2	17,33	1,84	2,08	15,11	9,00	0,33	2,17
42	14,88	5	29	1	21,11	1,84	2,07	15,11	8,84	0,32	2,17
43	14,88	12	29	2	17,04	1,84	2,07	15,10	8,69	0,32	2,17
44	14,84	13	1	3	18,97	1,80	2,06	15,10	9,00	0,50	2,30
45	14,84	6	15	2	28,50	1,80	2,05	15,09	9,43	1,10	2,91
46	14,83	2	29	1	20,58	1,80	2,05	15,08	9,26	0,29	2,09
47	14,82	13	24	3	23,01	1,79	2,04	15,08	9,68	0,92	2,71

-continua-



ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
48	14,82	6	17	4	27,44	1,79	2,04	15,07	10,11	0,93	2,72
49	14,82	10	28	1	25,33	1,79	2,03	15,07	10,40	0,73	2,51
50	14,82	4	8	2	24,27	1,78	2,03	15,06	10,83	0,65	2,43
51	14,82	3	14	3	22,16	1,78	2,02	15,06	10,96	0,45	2,23
52	14,81	9	29	4	21,11	1,78	2,02	15,05	10,76	0,28	2,06
53	14,80	3	29	4	20,05	1,77	2,01	15,05	10,57	0,27	2,04
54	14,80	7	1	3	22,69	1,77	2,01	15,04	10,85	0,47	2,24
55	14,80	3	2	1	22,69	1,77	2,00	15,04	11,20	0,52	2,28
56	14,80	8	25	6	25,86	1,76	2,00	15,04	11,61	0,84	2,60
57	14,80	5	8	2	24,27	1,76	2,00	15,03	11,97	0,63	2,39
58	14,80	5	8	5	24,27	1,76	1,99	15,03	12,31	0,63	2,39
59	14,80	8	1	2	22,16	1,76	1,99	15,02	12,57	0,47	2,23
60	14,79	6	14	4	22,16	1,76	1,98	15,02	12,69	0,43	2,19
61	14,79	6	14	6	22,16	1,76	1,98	15,02	12,79	0,43	2,19
62	14,79	13	1	6	18,58	1,75	1,98	15,01	13,03	0,46	2,22
63	14,77	14	29	6	16,66	1,74	1,97	15,01	12,80	0,25	1,99
64	14,77	21	29	6	14,23	1,74	1,97	15,00	12,58	0,25	1,99
65	14,76	13	29	6	15,79	1,73	1,97	15,00	12,37	0,25	1,98
66	14,76	6	2	6	22,69	1,73	1,96	15,00	12,68	0,49	2,22
67	14,76	15	14	3	17,81	1,72	1,96	14,99	12,78	0,41	2,13
68	14,75	4	2	6	22,69	1,72	1,95	14,99	13,07	0,49	2,20
69	14,74	5	29	3	20,58	1,71	1,95	14,99	12,86	0,23	1,94
70	14,73	3	29	6	19,53	1,70	1,95	14,98	12,65	0,23	1,93

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
71	14,73	7	41	5	23,75	1,69	1,94	14,98	13,02	0,58	2,27
72	14,73	15	29	3	16,37	1,69	1,94	14,98	12,81	0,22	1,91
73	14,72	9	2	6	23,22	1,69	1,94	14,97	13,07	0,47	2,16
74	14,72	7	25	5	26,39	1,69	1,93	14,97	13,39	0,79	2,48
75	14,72	4	14	4	21,64	1,69	1,93	14,97	13,47	0,38	2,07
76	14,71	7	2	6	22,69	1,68	1,93	14,96	13,72	0,46	2,14
77	14,71	3	28	5	24,27	1,67	1,92	14,96	13,97	0,65	2,32
78	14,70	6	8	2	23,75	1,66	1,92	14,96	14,25	0,56	2,23
79	14,69	23	29	3	13,06	1,66	1,92	14,95	14,03	0,20	1,86
80	14,69	11	29	6	15,02	1,66	1,91	14,95	13,81	0,20	1,86
81	14,69	7	29	3	20,05	1,66	1,91	14,95	13,59	0,20	1,85
82	14,69	8	2	2	22,16	1,66	1,91	14,94	13,81	0,45	2,10
83	14,69	12	29	6	15,60	1,65	1,90	14,94	13,60	0,20	1,85
84	14,69	8	29	5	19,53	1,65	1,90	14,94	13,40	0,20	1,85
85	14,68	4	2	4	22,16	1,65	1,90	14,93	13,60	0,44	2,09
86	14,68	1	2	3	21,11	1,64	1,90	14,93	13,79	0,44	2,08
87	14,68	9	29	5	20,05	1,64	1,89	14,93	13,59	0,19	1,83
88	14,67	9	17	2	26,39	1,63	1,89	14,93	13,87	0,83	2,46
89	14,66	8	17	6	26,39	1,63	1,89	14,92	14,14	0,83	2,46
90	14,66	7	1	5	21,64	1,63	1,88	14,92	14,34	0,38	2,01
91	14,66	8	28	4	24,27	1,63	1,88	14,92	14,56	0,62	2,25
92	14,66	1	1	3	20,58	1,62	1,88	14,91	14,75	0,37	2,00
93	14,66	5	2	2	22,16	1,62	1,88	14,91	14,93	0,42	2,05

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
94	14,66	5	2	4	22,16	1,62	1,87	14,91	15,09	0,42	2,05
95	14,66	16	14	6	17,04	1,62	1,87	14,91	15,18	0,34	1,96
96	14,65	9	14	3	22,16	1,62	1,87	14,90	15,26	0,34	1,96
97	14,65	2	2	1	21,64	1,62	1,86	14,90	15,41	0,42	2,04
98	14,65	6	14	3	21,11	1,62	1,86	14,90	15,48	0,34	1,96
99	14,65	2	29	6	19,00	1,62	1,86	14,90	15,27	0,17	1,79
100	14,65	1	14	4	20,05	1,61	1,86	14,89	15,34	0,33	1,94
101	14,64	8	11	5	27,44	1,61	1,86	14,89	15,65	0,96	2,57
102	14,64	2	1	5	21,11	1,60	1,85	14,89	15,83	0,36	1,97
103	14,63	21	1	4	15,41	1,60	1,85	14,89	15,99	0,36	1,96
104	14,63	14	29	1	15,60	1,60	1,85	14,88	15,79	0,16	1,76
105	14,63	21	29	2	13,15	1,60	1,85	14,88	15,59	0,16	1,75
106	14,63	5	14	3	20,58	1,59	1,84	14,88	15,64	0,32	1,91
107	14,63	9	11	1	27,97	1,59	1,84	14,88	15,91	0,95	2,54
108	14,63	6	2	4	21,64	1,59	1,84	14,87	16,05	0,40	1,99
109	14,63	12	14	3	16,66	1,59	1,84	14,87	16,09	0,32	1,91
110	14,62	3	1	6	20,58	1,59	1,83	14,87	16,24	0,35	1,94
111	14,62	13	2	5	17,43	1,59	1,83	14,87	16,37	0,40	1,99
112	14,61	4	29	6	18,47	1,58	1,83	14,86	16,18	0,15	1,73
113	14,61	9	8	6	23,22	1,58	1,83	14,86	16,41	0,51	2,09
114	14,61	4	2	3	21,64	1,58	1,82	14,86	16,52	0,39	1,97
115	14,61	8	14	5	21,11	1,58	1,82	14,86	16,56	0,31	1,89
116	14,61	7	8	2	23,22	1,57	1,82	14,86	16,78	0,51	2,08

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
117	14,61	7	8	6	23,22	1,57	1,82	14,85	16,99	0,51	2,08
118	14,60	24	29	4	11,88	1,57	1,82	14,85	16,79	0,14	1,71
119	14,60	13	1	1	17,14	1,56	1,81	14,85	16,93	0,34	1,90
120	14,60	13	1	4	17,14	1,56	1,81	14,85	17,06	0,34	1,90
121	14,60	3	29	2	18,47	1,56	1,81	14,85	16,87	0,14	1,70
122	14,59	21	29	5	12,86	1,56	1,81	14,84	16,68	0,13	1,69
123	14,59	24	29	5	11,78	1,55	1,81	14,84	16,50	0,13	1,69
124	14,59	12	29	3	14,83	1,55	1,80	14,84	16,31	0,13	1,69
125	14,59	1	1	4	20,05	1,55	1,80	14,84	16,43	0,33	1,88
126	14,59	6	25	6	24,80	1,55	1,80	14,84	16,67	0,70	2,25
127	14,59	9	2	2	22,16	1,55	1,80	14,83	16,78	0,38	1,93
128	14,59	2	2	2	21,11	1,55	1,80	14,83	16,88	0,38	1,93
129	14,58	14	29	2	15,21	1,55	1,79	14,83	16,70	0,13	1,68
130	14,58	9	25	6	25,33	1,54	1,79	14,83	16,92	0,69	2,23
131	14,57	3	28	6	23,22	1,53	1,79	14,83	17,11	0,56	2,09
132	14,57	5	1	1	21,11	1,53	1,79	14,82	17,22	0,31	1,85
133	14,57	21	29	1	12,66	1,53	1,79	14,82	17,03	0,12	1,65
134	14,56	17	14	5	16,37	1,53	1,78	14,82	17,08	0,28	1,81
135	14,56	22	29	6	13,25	1,53	1,78	14,82	16,91	0,11	1,64
136	14,56	16	8	2	18,68	1,53	1,78	14,82	17,09	0,48	2,00
137	14,56	16	2	4	17,04	1,52	1,78	14,81	17,18	0,36	1,88
138	14,56	4	28	3	23,22	1,52	1,78	14,81	17,36	0,55	2,08
139	14,56	19	14	2	16,56	1,52	1,77	14,81	17,40	0,27	1,80

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
140	14,55	16	1	1	16,56	1,52	1,77	14,81	17,51	0,31	1,83
141	14,55	8	2	3	21,11	1,52	1,77	14,81	17,60	0,35	1,87
142	14,55	19	2	1	17,04	1,51	1,77	14,80	17,68	0,35	1,86
143	14,55	8	8	4	22,16	1,51	1,77	14,80	17,85	0,46	1,98
144	14,55	6	29	1	19,00	1,51	1,77	14,80	17,68	0,10	1,61
145	14,54	8	14	6	20,58	1,51	1,76	14,80	17,72	0,26	1,77
146	14,54	17	29	5	14,73	1,51	1,76	14,80	17,55	0,10	1,60
147	14,54	3	14	6	20,05	1,50	1,76	14,80	17,58	0,26	1,77
148	14,54	9	29	1	19,00	1,50	1,76	14,79	17,42	0,10	1,60
149	14,54	9	29	2	19,00	1,50	1,76	14,79	17,26	0,10	1,60
150	14,54	9	1	3	21,11	1,50	1,76	14,79	17,36	0,29	1,80
151	14,54	5	29	2	19,00	1,50	1,75	14,79	17,19	0,10	1,60
152	14,53	11	14	1	15,98	1,50	1,75	14,79	17,23	0,26	1,75
153	14,53	25	29	3	10,99	1,49	1,75	14,79	17,08	0,09	1,59
154	14,53	11	29	5	13,77	1,49	1,75	14,78	16,92	0,09	1,58
155	14,53	23	29	2	11,78	1,49	1,75	14,78	16,77	0,09	1,58
156	14,53	8	17	5	25,33	1,49	1,75	14,78	16,96	0,74	2,23
157	14,53	24	29	2	11,29	1,49	1,74	14,78	16,80	0,09	1,58
158	14,52	8	9	4	25,33	1,49	1,74	14,78	17,04	0,74	2,23
159	14,52	4	41	5	21,64	1,48	1,74	14,78	17,24	0,44	1,92
160	14,52	16	1	6	16,27	1,48	1,74	14,77	17,34	0,28	1,76
161	14,51	2	8	6	21,64	1,48	1,74	14,77	17,49	0,44	1,92
162	14,51	11	14	6	15,79	1,47	1,74	14,77	17,53	0,24	1,71

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
163	14,51	7	2	2	21,11	1,47	1,73	14,77	17,61	0,32	1,80
164	14,50	14	10	1	20,70	1,47	1,73	14,77	17,82	0,66	2,13
165	14,50	13	14	6	15,31	1,46	1,73	14,77	17,85	0,24	1,70
166	14,50	13	29	1	13,77	1,46	1,73	14,76	17,69	0,07	1,54
167	14,50	15	8	6	18,10	1,46	1,73	14,76	17,84	0,43	1,89
168	14,49	10	29	5	17,94	1,45	1,73	14,76	17,68	0,06	1,52
169	14,49	8	10	2	24,27	1,45	1,72	14,76	17,87	0,65	2,11
170	14,49	6	8	5	22,16	1,45	1,72	14,76	18,01	0,43	1,88
171	14,49	6	8	6	22,16	1,45	1,72	14,76	18,15	0,43	1,88
172	14,49	22	14	1	14,23	1,45	1,72	14,76	18,18	0,23	1,68
173	14,49	22	14	3	14,23	1,45	1,72	14,75	18,20	0,23	1,68
174	14,49	9	42	6	24,80	1,45	1,72	14,75	18,43	0,65	2,10
175	14,49	2	16	3	24,80	1,45	1,72	14,75	18,66	0,70	2,15
176	14,48	21	14	2	13,74	1,45	1,71	14,75	18,68	0,23	1,67
177	14,48	11	14	5	15,60	1,45	1,71	14,75	18,70	0,22	1,67
178	14,48	22	1	2	14,53	1,45	1,71	14,75	18,79	0,26	1,70
179	14,48	13	8	3	17,14	1,44	1,71	14,74	18,91	0,42	1,86
180	14,47	8	1	1	20,05	1,44	1,71	14,74	19,00	0,25	1,69
181	14,47	23	14	5	13,25	1,44	1,71	14,74	19,01	0,22	1,65
182	14,47	2	25	6	23,75	1,43	1,70	14,74	19,19	0,62	2,05
183	14,47	12	2	6	16,37	1,43	1,70	14,74	19,27	0,30	1,73
184	14,47	2	9	5	24,27	1,43	1,70	14,74	19,46	0,71	2,14
185	14,46	23	29	5	11,29	1,43	1,70	14,74	19,31	0,05	1,48

-continua-

ANEXO 1 - EFEITOS GENÉTICOS ADITIVOS PREDITOS (a), VALOR GENÉTICO PREDITO ( $\mu + a$ ), GANHO GENÉTICO PREDITO, NOVA MÉDIA, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL ( $N_e$ ), PARA A POPULAÇÃO SELECIONADA E POMAR CLONAL DE SEMENTES DE *E. grandis*, PARA O CARÁTER DAP, CONSIDERANDO A ANÁLISE CONJUNTA DE LOCAIS

-continuação-

ORDEM PARA $\mu + a$	$\mu + a$	BLOCO	FAMÍLIA	ÁRVORE	f	a	GANHO	NOVA MÉDIA	$N_e$	d	g
186	14,46	14	2	4	16,56	1,43	1,70	14,73	19,38	0,29	1,72
187	14,46	6	1	4	20,05	1,42	1,70	14,73	19,46	0,24	1,66
188	14,46	3	2	2	20,05	1,42	1,70	14,73	19,53	0,29	1,71
189	14,46	3	29	1	17,94	1,42	1,69	14,73	19,38	0,04	1,46
190	14,46	2	41	6	21,11	1,42	1,69	14,73	19,57	0,40	1,82
191	14,45	17	8	6	17,33	1,42	1,69	14,73	19,69	0,40	1,82
192	14,45	25	14	4	11,78	1,42	1,69	14,73	19,70	0,20	1,62
193	14,45	12	14	1	15,31	1,41	1,69	14,72	19,70	0,20	1,62
194	14,45	1	9	2	23,75	1,41	1,69	14,72	19,88	0,69	2,11
195	14,45	11	2	4	15,98	1,41	1,69	14,72	19,95	0,28	1,70
196	14,45	7	25	1	24,27	1,41	1,68	14,72	20,12	0,60	2,02
197	14,45	2	2	4	20,05	1,41	1,68	14,72	20,18	0,28	1,70
198	14,44	22	1	5	14,23	1,41	1,68	14,72	20,25	0,23	1,64
199	14,44	5	28	5	22,16	1,41	1,68	14,72	20,40	0,47	1,88
200	14,44	18	41	3	17,43	1,41	1,68	14,71	20,58	0,39	1,79

$\mu + a$  = valor genético aditivo predito; f = valor fenotípico individual ou medição de campo; a = efeito genético aditivo predito;  $N_e$  = tamanho efetivo populacional; d =

efeito genético de dominância predito, supondo dominância completa; g = a + d = efeito genotípico predito, As famílias de 1 a 20 pertencem à procedência

Ravenshoe/Mountain Pandanus-QLD; famílias de 21 a 31 pertencem à procedência Mareeba-QLD e as famílias de 32 a 53 pertencem à procedência Mountain George-NSW